

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 1, 2005, 02:26:23 ; Search time 1156 Seconds
(without alignments)
10553.702 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaaagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapect 1.0

Searched: 1202784 seqs, 81813359 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2405568

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database : Issued Patents NA: *
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq: *
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq: *
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq: *
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq: *
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq: *
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfile1.seq: *

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	462	6.2	1636	6 5447867-2	Patent No. 5447867
2	462	6.2	1636	6 5447867-2	Patent No. 5447867
3	273.4	3.7	51952	3 US-08-947-823-1	Sequence 1, Appl
4	271.6	3.6	2466	3 US-09-363-243-1	Sequence 1, Appl
5	271.6	3.6	2466	3 US-09-363-243-2	Sequence 2, Appl
6	268	3.6	2466	3 US-09-363-243-1	Sequence 1, Appl
7	268	3.6	4459	3 US-09-363-243-2	Sequence 2, Appl
8	133.4	1.8	219	1 US-08-463-213-1	Patent No. 5453566
9	133.4	1.8	219	6 5453566-1	Patent No. 5453566
10	133.4	1.8	219	6 5453566-1	Patent No. 5453566
11	123.8	1.7	18773	4 US-09-949-016-14164	Sequence 1, Appl
12	113.8	1.5	18773	4 US-09-949-016-14164	Sequence 1, Appl
13	113.6	1.5	19124	2 US-08-487-826B-13	Sequence 1, Appl
14	109.2	1.5	30820	4 US-09-949-016-17145	Sequence 1, Appl
15	107.8	1.4	95255	4 US-09-949-016-17067	Sequence 1, Appl
16	106.2	1.4	95255	4 US-09-949-016-17067	Sequence 1, Appl
17	106.4	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 1, Appl
18	104.4	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 1, Appl
19	103.8	1.4	187169	4 US-09-949-016-12776	Sequence 1, Appl
20	103.8	1.4	191569	4 US-09-949-016-15940	Sequence 1, Appl
21	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15851	Sequence 1, Appl
22	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15851	Sequence 1, Appl
23	100	1.3	205044	4 US-09-949-016-15851	Sequence 1, Appl
24	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12387	Sequence 1, Appl
25	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12387	Sequence 1, Appl
26	100	1.3	223471	4 US-09-949-016-12387	Sequence 1, Appl
27	95.6	1.3	119153	4 US-09-949-016-12378	Sequence 1, Appl

28	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15348	Sequence 15348, A
29	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15348	Sequence 15349, A
30	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15350	Sequence 15350, A
31	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15507	Sequence 15507, A
32	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15508	Sequence 15508, A
33	95.6	1.3	134987	4 US-09-949-016-15509	Sequence 15509, A
34	94.2	1.3	30820	4 US-09-949-016-17145	Sequence 17145, A
35	93.2	1.2	59519	4 US-09-949-016-13504	Sequence 13504, A
36	92.6	1.2	6124	3 US-08-213-419B-3	Sequence 3, Appl
37	92.6	1.2	25067	4 US-09-949-016-11794	Sequence 11794, A
38	92.6	1.2	25441	4 US-09-949-016-14232	Sequence 14232, A
39	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15348	Sequence 15348, A
40	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15349	Sequence 15349, A
41	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15350	Sequence 15350, A
42	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15507	Sequence 15507, A
43	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15508	Sequence 15508, A
44	92.6	1.2	134987	4 US-09-949-016-15509	Sequence 15509, A
45	91	1.2	612	4 US-09-902-540-1357	Sequence 1357, Ap

ALIGNMENTS

RESULT 1	5447867-2	6.2% Score 462; DB 6; Length 1636;
Patent No. 5447867		Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.7e-75;
APPLICANT: BRIGGS, IAN; SCHUCH, WOLFGANG; GRIERSON, DONALD		Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT DNA CONTAINING PECTIN		
ESTERASE GENE SEGMENTS		
NUMBER OF SEQUENCES: 4		
CURRENT APPLICATION DATA:		
APPLICATION NUMBER: US/08/24, 866		
FILING DATE: 26-FEB-1993		
PRIOR APPLICATION DATA:		
APPLICATION NUMBER: 720, 629		
FILING DATE: 25-JUN-1991		
APPLICATION NUMBER: 419, 779		
FILING DATE: 29-SEP-1989		
APPLICATION NUMBER: 119, 614		
FILING DATE: 12-NOV-1987		
SEQ ID NO: 2:		
LENGTH: 1636		
5447867-2		
Query Match	6.2%	Score 462; DB 6; Length 1636;
Best Local Similarity	100.0%	Pred. No. 1.7e-75;
Matches	462;	Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY	6785	CAGTTTTCAGAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCACAAAGTGA 6844
DB	1161	CAGTTTTCAGAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCACAAAGTGA 1220
QY	6845	ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCAGACAAATCTTCATGTGAAGAAATTATATG 6904
DB	1221	ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCAGACAAATCTTCATGTGAAGAAATTATATG 1280
QY	6905	GAGAAATTAATTTAGTGAAGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGTGATGCAAAAATGTC 6964
DB	1281	GAGAAATTAATTTAGTGAAGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGTGATGCAAAAATGTC 1340
QY	6965	CATTTTACATGCTGACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
DB	1341	CATTTTACATGCTGACATGTTACACACACTGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 1400
QY	7025	GAAAGCTTTTGTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTA 7084
DB	1401	GAAAGCTTTTGTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTA 1460
QY	7085	TATATTCATTAATTAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTA 7144
DB	1461	TATATTCATTAATTAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTA 7204

Db 1521 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATCTATCTATCTTCTAGCAAAAAGTTTGAGATTGT 1580
QY 7205 ACTTTTAATGACAAAATAATAAAGCTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAATGACAAAATAATAAAGTTTATTTATATGA 1622

RESULT 2
5447867-2

Patent No. 5447867
APPLICANT: BRIDGES, IAN/SCHUCH, WOLFGANG; GRIERSON, DONALD
TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT DNA CONTAINING PECTIN
ESTERASE GENE SEGMENTS
NUMBER OF SEQUENCES: 4
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/24,866
FILING DATE: 26-FEB-1993
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 720,629
FILING DATE: 25-JUN-1991
APPLICATION NUMBER: 419,779
FILING DATE: 29-SEP-1989
APPLICATION NUMBER: 119,614
FILING DATE: 12-NOV-1987
SEQ ID NO: 2
LENGTH: 1636
5447867-2

Query Match 6.2%; Score 462; DB 6; Length 1636;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.7e-75;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAATAAATGCTGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 6844
Db 1161 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAATAAATGCTGTATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 1220
QY 6845 ACAAGGTGCGCCTAATAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAGAAATTATATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGCGCCTAATAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAGAAATTATATG 1280
QY 6905 GAGATATTAATTTAAGTGAAGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGCTCGTCAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGATATTAATTTAAGTGAAGGGAAGTGAAGAAACCATCAAGGCTCGTCAAAAATGTC 1340
QY 6965 CATTTTAACAGTCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACAGTCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGAGAGAT 1400
QY 7025 GAGGCTCTTTGATATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
Db 1401 GAGGCTCTTTGATATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1460
QY 7085 TATATGACATAAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7144
Db 1461 TATATGACATAAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1520
QY 7145 TTGAAGTTTAAATGAATCTATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAAATGAATCTATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1580
QY 7205 ACTTTTAATGACAAAATAATAAAGCTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAATGACAAAATAATAAAGTTTATTTATATGA 1622

RESULT 3

US-08-947-823-1
Sequence 1, Application US/08947823
Patent No. 6114605
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Williamson, Valerie M.
APPLICANT: Kaloshian, Isouhi

APPLICANT: Yaghoobi, Jafar
APPLICANT: Bodeau, John
APPLICANT: Milligan, Stephen
TITLE OF INVENTION: Procedures and Materials for Conferring
NUMBER OF SEQUENCES: 5
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESS: Townsend and Townsend and Crew LLP
STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
CITY: San Francisco
STATE: California
COUNTRY: USA
ZIP: 94111-3834
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/947,823
FILING DATE: 09-OCT-1997
CLASSIFICATION: 800
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US97/18802
FILING DATE: 09-OCT-1997
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 60/028,191
FILING DATE: 10-OCT-1996
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Bastian, Kevin L.
REGISTRATION NUMBER: 34,774
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 023070-070210US
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 576-0200
FAX: (415) 576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 51952 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULAR TYPE: DNA (genomic)
US-08-947-823-1

Query Match 3.7%; Score 273.4; DB 3; Length 51952;
Best Local Similarity 84.0%; Pred. No. 1.6e-40;
Matches 352; Conservative 0; Mismatches 46; Indels 21; Gaps 3;

QY 4785 ACAATTAATTAAGGCGCTTTGATGGCGAATTAAGAGCTTTTAA 4844
Db 38677 ACAATTAAGGCGCTTTGATGGCGCTTTAATTAAGAGCTTTTAA 38736
QY 4845 AGTGTGAACCTTATTTTAAATAAGCAATTAAGCTTTGATTAAGCTGTAAGTTG 4904
Db 38737 AGTGTGAACCTTATTTTAAATAAGCAATTAAGCTTTGATTAAGCTGTAAGTTG 38796
QY 4905 TTATGCAAAAGTGAAGGAAAAATGAAGAAATGTTAGGCTTATATGAGTAT 4964
Db 38797 TTATGCAAAAGTGAAGGAAAAATGAAGAAATGTTAGGCTTATATGAGTAT 38856
QY 4965 -----TTGATTAATAATTAATTAAGCAAAAGATTAATAATGTCACCTTAACAA 5017
Db 38857 TTGAGATTTGATTAATTAATTAAGGAAAAACATTAATAATGTCACCTTAACAA 38916
QY 5018 CTTAATAGCT-----ACCTAACCCTACCCAGCTTTTAACCTTTGGCTTAATAATA 5068
Db 38917 CTTAATAGCTTAATAATAAGCAACCCCTACCCAGCTTTTAACCTTTGAAGTAAATAA 38976
QY 5069 GTTTTATTTTAAACCTTAATAATAGTGTGTTGATGATGCAAGAGCTTAATAATG 5128
Db 38977 GTTTTATTTT-----ACTTAATAATAGCTATTTTGAGATTTGCCAAACAGTTAATAAGT 39031
QY 5129 CAAAACAGCTTTTAAGTCACTTTGACAGCTTTTAAGCTGAGCCAAACAGGCTTTTA 5187

QY	5	TTCTTAAAAAGGCAAAATTCATTAATTTGTAAGTCGAAATTAATTAATTAATTAACATGGTAA	64
Db	1714	TTGATTAAACTTAATGATTAATTAATTAAGCGGGCACTAAATATGTAAACAACCTATTA	1655
QY	65	GCACCTTAAGAAACCATAGCTTTGAAGGTACCAATGCGCTATATATTAATCAACTTGAT	124
Db	1654	ACTAAAGAAAGACAACTTCAACCCGCTTCAATTAAGACATACATTAACAAATAGTATAT	1595
QY	125	AATATATAAAAAAATTTGCATTGCGAAAAGGCGCTAAATATTTCTCAAGTATTCGAATG	184
Db	1594	AATTTATTTTAAAGCAAAAGTATTTGAATGTAACAAATTAACCTTCATCAACCTATTTGGC	1535
QY	185	TACAAAACTACCATC-CGTCCACCTATTGACCTCCAAAATTAATAATATATACACCTTGA	243
Db	1534	TTCAAAATATCCTTTGCATCACCCTATTTGGGTCCAAAATCCTTTGTCACTCACCTTTTG	1475
QY	244	GTTTAAATTTGACTCTATTAATTAACAATCTTAAATTTAACTATTTTATATCTTTTAAA	303
Db	1474	GTTTAAATTTGACCACTTAATTAAGATTTATATTTAACTATTAATTTTAAA	1415
QY	304	ATACATGGGCTCAATATATTAATTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAC	363
Db	1414	ATACCTGGTCTCAACTATTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATC	1355
QY	364	AACTAACCACTCATTTATCATTTAAATCCCAACCA-----ATTCTACAT	408
Db	1354	TACTACCCACGCACTACTAATTAATTCCTTAATTAAGAACCCGTCACATTTTAATGCA	1295
QY	409	CAAAATTTGCTTAACACTACTTAACAAACAAGCAATTTGTTGAGTCGGAATGACAC	468
Db	1294	GCTACTGCAATTAAGTGTCTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG	1235
QY	469	CAATCTAATTTAGTTGAGCGCATATTTAGAGAGACCTTCAATAGTATTTTTCAA	528
Db	1234	CTACATTAATAATCAACCGATTAACCTTAAGTCTGACATGTTCATCTTAATTAATTTTAC	1175
QY	529	GCATGAATTTGAATTTAAGTATATGTAAGAAGTAGTACACCCGAATTAATTCATGC	588
Db	1174	GTCTCAATTAATGATGTACTCATATAGTAACTTTTTTCAAAATATATATTAAGGT	1115
QY	589	CTT-----TTTAAATATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATATTTAAACT	642
Db	1114	TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTC	1055
QY	643	TGAATATATTAATTTTAAAAAAATATCTAATTAAGTACATCACTAATTAAGACGAGA	702
Db	1054	GGAGATATTAATTTCTTACCTTCAATTTTGAAGAAAGATGCTCTCTTAATTAAGCGC	995
QY	703	ATATTAAGATGA---CATAGCTTTAATTAAGTATGATGATGGTATGAATTTATTA	758
Db	994	TCAACTTAATTTAATTAAGATGAGGTATGATATGATGATGGGTATGATTTGGTTA	935
QY	759	TAAATTAATCAATAAGTAAA--TTATAACAATATTTGAGCGCATGATTTTAAAAA	817
Db	934	TAAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	875
QY	818	TATTAATAATGTTGAATTTAAACCGTTAGATTAATGTCAAATTTTGAACCCAAAAGTG	877
Db	874	TATTTAAAGTTTAATTTATTAACAATTA-AAAAATGTCATATTTTGAACCCAAAGGTT	816
QY	878	GATGAGAAAGGTATTTTGAAGCCAAATGAGGGGATGAGAAAGATTTTGAAGCAATATG	937
Db	815	GATGACAAAGGTATTTTGAAGCCAAATGAGGTATGAGAAAGATTTTGAAGCAATATG	756
QY	938	TGATGATGAGATATTTTGTATCTATTTCTAATCTTTAAAGATATTTTGGTCATTT	997
Db	755	TGA---ATGAAGGTATTTTGTATCACTTTTCAATCTTTAAGGATATTTTAAAGCCCTTG	699
QY	998	TCCCTT 1003	
Db	698	TCCGTT 693	

```

US-09-363-243-1
: RESULT 6
: Sequence 1, Application US/09363243
: Patent No. 6414221
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Oetliker, Juerg H.
: APPLICANT: Shiu, Oi Yin
: APPLICANT: Yang, Shang Fa
: APPLICANT: Yip, Win Kin
: APPLICANT: The Regents of the University of California
: TITLE OF INVENTION: Transiently Activated Stress-Inducible Plant Promoters
: FILE REFERENCE: 023070-097000US
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/363,243
: CURRENT FILING DATE: 1999-07-28
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 16
: SOFTWARE: Patentln Ver. 2.1
: SEQ ID NO 1
: LENGTH: 2466
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Lycopersicon esculentum
: FEATURE:
: OTHER INFORMATION: 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC)
: OTHER INFORMATION: synthase (ACS) DF-ACS7 promoter from tomato
US-09-363-243-1

```

Query Match	Best Local Similarity	Score	DB 3	Length	2466
Matches	603	Conservative	0	Mismatches	372
				Indels	32
				Gaps	8
Qy	143	ATTGAAAAGGGCCTTAAAAATTTCTCAAGATTTGGAATGTGACAAACTACATCCGT	202		
Db	724	ATTGAAAATGTGACAAAAATTTACCCCTTCATTCACATATGATCCAAAATGTCTTTTCAT	783		
Qy	203	CCACCTATTGACTCCAAAATTAATATATCCACTTGAGTTTAAATAGTACTACTA	262		
Db	764	CCACTATTGGCTACAAAATATCCCTTGTGATCAACCTTGGGTTCAAAATGACCA-TTT	842		
Qy	263	TATAGCAATTCGAATTTTAACTATTTTAAATCTTTTAAAAATACATGCGCTTCAAAAT	322		
Db	843	TTTAAATGTCTTAAAAATTTAACTCTTTTAAATATTTTTTTTAAATCTGGGGCTTCACTAT	902		
Qy	323	TTAAAT-T-AATTAATTTTGAATATATCATTTATATAACCAACATACATCACTATTAT	381		
Db	903	TAAATTAATAATTTAATTTATTTATATATATTTATATAACCAATCCATCCACTCATTA	962		
Qy	382	CATTAATCCACCCCAAAATTTCTACTATCAAAATTTGTCTTAAACATCTATAAACAAGC	441		
Db	963	AACATAAAGCTCAGTCAATTAATTTAGTTGAGCGCGTTATTAGAGAGACACTTCTTT	1022		
Qy	442	AAATTTGTCGAGTCCGAATGGAACACCAATCTAATTTAGGTTGAGCGCATTTTAGGA	501		
Db	1023	CAAAATGAAAAGGTAAAGAAATATATATATATCCGAAATTAATATCATGCACTTTTTTAAATA	1082		
Qy	502	GGACACTTTTCATA-----GTAATTTTTTCAAGCATGAAATTTGAATTTAAGTTAATG	555		
Db	1083	TAAATTTATAAATATATATATGATTTATTTTAAAACTTAATATATATTTTGAAAAAAG	1142		
Qy	556	GTA---AAGAAATGTATACCCCGAATTAATTCATGCTTTTTTAAATATATATATATAA	612		
Db	1143	TTACCTTATGAAGTAACATCAATTAATTTGACACGTAAAGAAATTAATTAAGATGATAGTCA	1202		
Qy	613	TATTTATGATT-----TGTTTTTAAATATTAACCTGAAATATATATTTTAAAAAAA	665		
Db	1203	GACTTTTAAGTTTATCGGTATTTTATTTATGTCACACTGATGTATAGATATATTTACTTTT	1262		
Qy	666	TTATCTATTAAGTACATCAATTAATGACGAGAAATTAATTAAGTAAACAT-----	719		
Db	1263	ATATTTTTTAAAGAACTTATATGGCAGTGTGCTTGATTAATATATATGACGGGTCAATT	1322		
Qy	720	---AGTCTTAATTAAGTAATGATGGGTATGTAATTTATTTATATAATTTATATCAATTAAGT	776		
Db	1323	AGAGGGAATTAATTAAGTAATGCGGTGGTATGTATATTTAATTAATTTTACATGATTAAGT	1382		


```

; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION IN PLANT CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 1
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Calgene, Inc.
; STREET: 1920 Fifth Street
; CITY: Davis
; STATE: CA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 95616
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Diskette, 3.50 inch, 2.0 MB
; COMPUTER: Apple Macintosh
; OPERATING SYSTEM: Macintosh 7.1
; SOFTWARE: Microsoft Word 5.1 (a)
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/463,213
; FILING DATE: 5-JUNE-95
; CLASSIFICATION: 800
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-91
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 07/240,408
; FILING DATE: 30-AUG-88
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 06/920,574
; FILING DATE: 17-OCT-86
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 06/845,676
; FILING DATE: 28-MAR-86
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Elizabeth Lassen
; REGISTRATION NUMBER: 31,845
; NAME: Donna E. Scherer
; REGISTRATION NUMBER: 34,719
; NAME: Carl J. Schwedler
; REGISTRATION NUMBER: 36,924
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: CGNE 26-4
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (916) 753-6313
; TELEFAX: (916) 753-1510
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 219 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: double
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: cDNA to mRNA
; US-08-463-213-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 1; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 9
5453566-1
; PATENT NO. 5453566
; APPLICANT: SHEWMER, CHRISTINE K.; KRIDL, JEAN C.; HIATT,
; WILLIAM R.; KNAUF, VIC
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE REGULATION OF GENE EXPRESSION
```

```

; IN PLANT/CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 2
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 240,408
; FILING DATE: 30-AUG-1988
; APPLICATION NUMBER: 920,574
; FILING DATE: 17-OCT-1986
; APPLICATION NUMBER: 845,676
; FILING DATE: 28-MAR-1986
; SEQ ID NO: 1:
; LENGTH: 219
5453566-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 6; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 10
5453566-1
; PATENT NO. 5453566
; APPLICANT: SHEWMER, CHRISTINE K.; KRIDL, JEAN C.; HIATT,
; WILLIAM R.; KNAUF, VIC
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE REGULATION OF GENE EXPRESSION
; IN PLANT/CELLS
; NUMBER OF SEQUENCES: 2
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/750,505
; FILING DATE: 27-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 240,408
; FILING DATE: 30-AUG-1988
; APPLICATION NUMBER: 920,574
; FILING DATE: 17-OCT-1986
; APPLICATION NUMBER: 845,676
; FILING DATE: 28-MAR-1986
; SEQ ID NO: 1:
; LENGTH: 219
5453566-1

Query Match 1.8%; Score 133.4; DB 6; Length 219;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.7e-15;
Matches 134; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 2416 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 2475
DB 76 GCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCACTTAGAACACCTGTTCAATTGTGGTT 135
QY 2476 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 2535
DB 136 CCTAAAAACAAGATTATCTTCTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGTCATGAGATCTTCT 195
QY 2536 ATTCAGTAAAGATT 2550
DB 196 ATTCAGTAAAGATT 210

RESULT 11
```

Query Match	1.7%	Score 123.8;	DB 4;	Length 18773;
Best Local Similarity	46.6%	Pred. No. 3.2e-13;		
Matches 579;	Conservative 0;	Mismatches 647;	Indels 17;	Gaps 5;

[illegible]

```

QY 637 AAAAATTGAATATATATTTTAAAAAATTATCTATTAAGTACCATCATATATTTGAGA 696
Db 18128 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATGTA 18069
QY 697 CGAGGATATATATAGAGA-ACATAGCTTTAATTAGTATGATGGGTACTTAATTTAT 755
Db 18068 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 18009
QY 756 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 815
Db 18008 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17949
QY 816 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 875
Db 17948 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 17889
QY 876 TGAATGAGAGGATTTTGAAGCCATAGGAGGATGAGAGGATTTTGAAGCCATA 935
Db 17888 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17829
QY 936 TGTATGATGAGAGATATTTTGTATCATTTCTTAATCTTTAAGATATTTTATAGTCAT 995
Db 17828 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17769
QY 996 TTTCCCTTCTTTAGTTATATAGACTATAGTGT-TAGTTCATGCAATATCATATATTTTC 1054
Db 17768 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17709
QY 1055 CGCTTAAATATATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1114
Db 17708 CATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17649
QY 1115 CTTTGAATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1174
Db 17648 TTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 17589
QY 1175 AGAATTTGAACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1234
Db 17588 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 17529
QY 1235 AAGAATATGACAAAAAATTGAGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1294
Db 17528 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17470
QY 1295 ACTCTTTCGTCTAAATATCTCATCCAACTAATATATATATATATATATATATATATAT 1354
Db 17469 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 17410
QY 1355 TTGACCACTCAAAACCCCTTAAATCTATATATATGACAAACCCCTCCCATATCTTTATC 1414
Db 17409 ATGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17350
QY 1415 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 1474
Db 17349 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17291
QY 1475 TATCATGTTATCCAAAGATATATCTCTCTCATATATATATATATATATATATATATAT 1534
Db 17290 TATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17231
QY 1535 TT-----CAACTTGTAGAGCAATGTTATGATGACAAATTTATCCAAAGATTATG 1587
Db 17230 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17171
QY 1588 ATATATATCTTGAACAGAAATTTGCTCATGATTTTCAAGCTTATCTTTTATATATGAGA 1647
Db 17170 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17111
QY 1648 AAAATATTTGAAGCAACAATATATATGACAAGGTTGATTA 1687
Db 17110 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 17071

```

```

RESULT 13
US-08-487-826B-13/c
; Sequence 13: Application US/08487826B
; Patent No. 593827
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Sim, Kim L.
; APPLICANT: Chitnis, Chetan
; APPLICANT: Miller, Louis H.
; APPLICANT: Peterson, David S.
; APPLICANT: Su, Xin-zhan
; APPLICANT: Wellens, Thomas E.
; TITLE OF INVENTION: BINDING DOMAINS FROM PLASMODIUM VIVAX
; TITLE OF INVENTION: AND PLASMODIUM FALCIPARUM ERYTHROCYTE BINDING PROTEINS
; NUMBER OF SEQUENCES: 45
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: Knobe Martens Olson & Bear
; STREET: 620 Newport Center Drive 16th Floor
; CITY: Newport Beach
; STATE: California
; COUNTRY: US
; ZIP: 92660
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/487,826B
; FILING DATE: 10-SEP-1993
; CLASSIFICATION: 435
; ACTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Israelien, Ned
; REGISTRATION NUMBER: 29,655
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: NIH21,001CP1
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (619) 235-0176
; TELEFAX: (619) 235-8550
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 19124 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: cDNA
; HYPOTHEICAL: NO
; ANTI-SENSE: NO
; US-08-487-826B-13

Query Match 1.5%; Score 113.6; DB 2; Length 19124;
Best local Similarity 42.7%; Pred. No. 2,4e-11;
Matches 1679; Conservative 0; Mismatches 2164; Indels 87; Gaps 18;

QY 148 AAAAGGCGCTAAATATTTCTCAAGATTCGAAATGCTCAAAACCTACCATCCGTCAC 207
Db 7183 ATATGATAGAAATGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7124
QY 208 TATTCATCCAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 267
Db 7123 TATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 7064
QY 268 CAATCTAAATTTAACTATTTTAACTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATAT 327
Db 7063 CATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 7004
QY 328 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 387
Db 7003 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 6944
QY 388 ATCCACCCCAATTTCTATATCAAAATTTGCTTAAACCTACTATAAACAG--ACGAAT 445
Db 6943 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA 6884
QY 446 TGTTCAGTCCGATCGAAGACCAATCTATTTAGTTGAGCGGCATATTTTGAAGAGAC 505

```

[illegible]

Db	5828	ATATGTACAAAAA	AAAAAAAAAAAA	AACTATACCCCTTAACGTATACATATCTTATCTTA	5763
Qy	1577	ACAAGTTATGATATAT	TTCTTGACAAGAATTTGCTCATGATTTTCAAGCTTATCTTTC	1636	
Db	5768	ACACAGACATATACAA	ATTAATATATTTAACTATATATGATCTATTCACATATAAATAT	5709	
Qy	1637	TTATTTGAGCAAAAT	ATTTGAAACAATATATTTGACAAGTTGATATAAATGGGAT	1636	
Db	5708	ATTAATGAAACA	CCCATATATCTTATATGACCCTTATATACCCMAATCAAAAACATTAAT	5649	
Qy	1697	TAAAGTATTAATGACT	TTAGCTTTGGAGCTTGAAGGGGATGAGAAAACATATGATATAT	1756	
Db	5648	ATATATATATATTAAT	ATATATATATGATATATCTTATATAGTTAGTATTTGATGAAATACTAT	5589	
Qy	1757	TGTAAGTATTTAAAT	TTTAAATTTGGAATTTTGCGGAATGAATAATGATAGATATTAAGA	1816	
Db	5588	TATTTTAACATATTA	TATTTATAT-TATATGATATTTAAATATTTTTCAAAACATTAATCA	5530	
Qy	1817	TTATTTGAGAGATAA	AGTTATATTTTATTAAGTGAATAATATTTTCTCGTTTTAG	1876	
Db	5529	TGTTAATATATATTA	ATATAATTAACATTAATTTGACATTAATAAAATATTAATTTTAAT	5470	
Qy	1877	TATTAAGGTAAAT	GTGTTCTCGTAAAGGAGGAAGAGTATTTCCATGCTAACGT	1936	
Db	5469	ATTTATCCCTTAAT	ATTAATTTCTATATATTTCTATATATACATGTT-----ACGATTTTGT	5415	
Qy	1937	ATTTTTTTTTTACT	TTTAATATACCTCATAGATTTTGGCTATCTACMAAATPAACACTTA	1996	
Db	5414	AATATATGTACATTT	TTTAAABAAAGTATATATATGACTTATTTATCAGATTTCTTAATTTTA	5355	
Qy	1997	TTATGTATGATTTAG	TGCTCGAABAAAGAAATGATAGTAAATTTGCTTAATATTAATCA	2056	
Db	5354	TTATTTTATTTTCT	TATTAATTAAGTATTAATAATTAATTTACTTATCTATGTTGTAAAGAT	5295	
Qy	2057	ATTTCTTATATGAT	ATATTTTTCACCAAAATPAACAAAGCGTAAATCCAAATAGTGGCCTC	2116	
Db	5294	ATATATATATATAT	ATATATATGAGTCCAAATTTATATTAACCTAT-----TGAAC	5248	
Qy	2117	TAGATATAAAGTAT	GTCTTATCAATTTCTTAACCTTATTTAATTTAGTGAAGAACCTG	2176	
Db	5247	TACAAATACAGAT	ATTTATTTTCTTATTTTTCATTTTTTTAAATTAATATATATTA	5188	
Qy	2177	ACAAAACGAACAA	AGTATTCAACTTTTATATTTGGAAATTTGAGACCAACCATATGAA	2236	
Db	5187	TATGAAAGCATTC	ACATTAATTAATTAAGTCATATATATTCATCAAAAAACAAATAT	5128	
Qy	2237	CACCTCACACATG	CATATATATAGTCTTAATATATATTTTCTTAAAAATATCTTCAATC	2236	
Db	5127	CGAAATTTCAAT	TATATATATATGATGTTATATTTATTAATAAGGACAAATTTTTTAAAT	5068	
Qy	2297	TACCATATATGAAT	TATTAAGAAATGACCTTTATCTATTCGAACCATTAATCAAGATTTTC	2356	
Db	5067	GTATATATAGAA	CCT-----TTTTAGATTAATAATTAACATTTTATATATATTA	5019	
Qy	2357	TTTTAAGAATTTAC	ACTATACATTTTGGATG-TTTCTTATCGTGTAAATATATCTTCAAG	2415	
Db	5018	TTTTATCTTATTA	CAGTAACATTTTATATGCTTTCCATTTTGTCTGTGTTTTTTTTT	4959	
Qy	2416	GCATTTGAGCAGAT	TGAATGAAGCATCTGTAAGAACACTGTTCATTTGTGTGT	2475	
Db	4958	TTTTTAACCTTAT	ATACATATACATAAAATTTTCTCAATATATTAAGAAATTTTCCCTT	4899	
Qy	2476	CCPAAAAACAAGAT	TTATCTCTCAAGCAATTCACCTTTTCAGGTCACATGACATCTTCT	2535	
Db	4898	TATATATACATAT	ATATATATTAACATTAATAATATATTTTTC-----TTCTAT	4852	
Qy	2536	ATTTACAGTAAAG	TTAGCATATGATTAATATCTCTTGTGTAACAATATATATCT	2595	
Db	4851	TTATTAACATAT	ATATATATGTTCTGTGTTACTTATTAATATATACATATATTAATATATAC	4792	
Qy	2596	GGTTTATGACAAA	TTTAAAGATTAATCAAAGTATAGTATTAACAATGATATTTTGTCACT	2655	
Db	4791	CATTTTTATTTAT	TCATGACATATATGATCTATATATGAAATATATATTTAGATATACATATCA	4732	


```
Qy 511 CAATAGATTTTTCAGCATGATTTGAATTTAAGTTAAAGTAGTAC 570
    |||||
Db 6073 ATATATTATATACATATATATATATATATATATATATATATATAT 6132
Qy 571 ACCGGAATTAATTCAGCCCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 630
    |||||
Db 6133 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6189
Qy 631 AATATTAACCTGAAATATATATTTTAAATAATTAATTAATTAATTA 690
    |||||
Db 6190 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6249
Qy 691 TTGAGACGAGGAATTAATTAAGTGAAGTGTGTTAATTAATTAATTA 750
    |||||
Db 6250 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6309
Qy 751 TTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 810
    |||||
Db 6310 TTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6369
Qy 811 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 870
    |||||
Db 6370 ATGTATATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6429
Qy 871 AAAAGTGAGTGAAGGATTTTGAAGCAATAGGGGATGAGAGATTTTGA 930
    |||||
Db 6430 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6489
Qy 931 CAATATGTATGATGTAGAGAT---AATTTGTATCATTTCTAATCTTT 986
    |||||
Db 6490 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6549
Qy 987 TTAGTCAATTTCCCTCTTATAGTTTATAGCTATAGCTATAGCTAT 1046
    |||||
Db 6550 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6609
Qy 1047 ATATATTTCCCTTAAATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 1106
    |||||
Db 6610 ATATATATTTCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 6669
Qy 1107 CCATTTAATTTGATTTGATTTAATTTTAAATAATTAATTAATTAAT 1166
    |||||
Db 6670 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6728
Qy 1167 TTTTAAACAAAGATTTGAATATTTTATTTTATTTTATTTTATTTT 1226
    |||||
Db 6729 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6788
Qy 1227 TCAT 1230
    |||||
Db 6789 TGAT 6792
    |||||

RESULT 15
US-09-949-016-17067
; Sequence 17067, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; FILE REFERENCE: C1001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
```

```
; SEQ ID NO 17067
; LENGTH: 95255
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)..(95255)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-17067

Query Match 1.4%; Score 107.8; DB 4; Length 95255;
Best Local Similarity 42.9%; Pred. No. 4.2e-10;
Matches 756; Conservative 0; Mismatches 992; Indels 13; Gaps 4;

Qy 302 AATATACGCGCTCAATATTTTATATATTTAATTTAATTAATTAATTA 361
    |||||
Db 41953 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42012
Qy 362 CCAACTACCACTCAATTAATCAATTAATCCCAACCAATTCATCAAA 421
    |||||
Db 42013 AATATGAATATATATTTCTATATCATATACAAATATATACATTA 42072
Qy 422 AACCTACTTAAACAGACGAATTTGCGAGTCCGATGAGACCAATCTA 481
    |||||
Db 42073 CATATACAAATATATACATGAATTAATATATATAGATCAAAAT 42132
Qy 482 GTTAGCGCGATTTTAGAGACACTTCAATAGTATTTTTCAGCATGAA 541
    |||||
Db 42133 ATTAGATACAAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42192
Qy 542 ATTTAAGTTAATGTGTAAGAAGTAGTACACCCGAATTAATTCAGCT 601
    |||||
Db 42193 ATATATATTTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 42248
Qy 602 AATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 661
    |||||
Db 42249 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42308
Qy 662 AAAATATCTATATAGTATATATATATATATATATATATATATAT 721
    |||||
Db 42309 TGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42368
Qy 722 TGTTTAATTAATAGTATAGTATATATATATATATATATATATAT 781
    |||||
Db 42369 ATATATCATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42428
Qy 782 TATATACAAATTTGAGCGCATGATTTTAAATAATTAATTAATTA 841
    |||||
Db 42429 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42488
Qy 842 CCGTTAATTAATAGTATATATTTTGAACCCAA---AGTGATGAGA 897
    |||||
Db 42489 ACAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42548
Qy 898 GCCAATAGGGGATGAGAGATTTTGAAGCCATATGATGATGAGATTA 957
    |||||
Db 42549 TACAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42608
Qy 958 TGTATCTTTCTATATCTTTAATTAAGATTTTGAAGTATTTTCTT 1017
    |||||
Db 42609 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42668
Qy 1018 CTATAGTGTAGTTCATCGAATATCATATATATTTCCGCTTAAAT 1077
    |||||
Db 42669 CAAATATTAACATTTGATATATATATATATATATATATATATAT 42728
Qy 1078 ATAAATTTTAAATAATTAATTTTTCATTTAATTTTGAATTTTAA 1137
    |||||
Db 42729 CAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42788
Qy 1138 AATATCAACATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1197
    |||||
Db 42789 ATACAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 42848
    |||||
```


GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 28, 2005, 19:39:33 ; Search time 3376 Seconds
(without alignments)
13073.931 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagcttccttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapept 1.0

Searched: 4390206 seqs, 2959870667 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8780412

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : N_Geneseq_16Dec04:*

- 1: geneseqn1980s:*
- 2: geneseqn1990s:*
- 3: geneseqn2000s:*
- 4: geneseqn2001as:*
- 5: geneseqn2001bs:*
- 6: geneseqn2002as:*
- 7: geneseqn2002bs:*
- 8: geneseqn2003as:*
- 9: geneseqn2003bs:*
- 10: geneseqn2003cs:*
- 11: geneseqn2003ds:*
- 12: geneseqn2004as:*
- 13: geneseqn2004bs:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2023.6	27.1	2207	2	AAV27950 Polyalgal
2	2023.6	27.1	2207	2	AAV36973 Polyalgal
3	2023.6	27.1	2207	3	AAZ35696 Polyalgal
4	2023.6	27.1	2207	4	AAH47384 Nucleotid
5	2020.8	27.1	2207	12	AD021594 Tomato po
6	2017.6	27.1	2207	1	AAH80748 Sequence
7	462	6.2	1636	4	AAO38415 Polyalgal
8	459.4	6.2	1636	4	AAO38415 Polyalgal
9	459.4	6.2	1636	4	AAO38415 Polyalgal
10	451	6.0	1637	1	AAH91112 Polyalgal
11	331.8	4.5	8056	8	ABZ10246 Haematopo
12	328.8	4.4	8056	8	ABZ10246 Haematopo
13	273.4	3.7	51952	2	AAV26084 Tomato pe
14	271.6	3.6	4459	6	ABN84856 Tomato 1-
15	268	3.6	4459	6	ABN84856 Tomato 1-
16	265.4	3.6	5822	6	AAO20853 Expressio
17	217.2	2.9	2207	12	AD021594 Tomato po
18	215.6	2.9	2207	1	AAH80748 Sequence
19	215.6	2.9	2207	2	AAV27950 Polyalgal
20	215.6	2.9	2207	2	AAV36973 Polyalgal

C	21	215.6	2.9	2207	3	AAZ35696	AAZ35696 Polyalgal
C	22	215.6	2.9	2207	4	AAH47384	AAH47384 Nucleotid
C	23	200.2	2.7	8056	8	ABZ10100	ABZ10100 Haematopo
C	24	188.6	2.5	8056	8	ABZ10100	ABZ10100 Haematopo
C	25	176.2	2.4	1797	3	AAA59321	AAA59321 Nucleotid
C	26	176.2	2.4	3823	3	AAA59329	AAA59329 Nucleotid
C	27	176.2	2.2	6658	6	AAV79882	AAV79882 Tomato im
C	28	163	2.2	15548	6	ABL34155	ABL34155 Human imm
C	29	145.2	1.9	50000	6	ABL56643	ABL56643 AMBPV gen
C	30	141.4	1.9	15373	6	ABL32467	ABL32467 Human imm
C	31	138	1.9	7498	6	ABL32257	ABL32257 Human imm
C	32	134.8	1.8	18218	6	ABL33949	ABL33949 Human imm
C	33	134.4	1.8	110000	13	ABD32968	ABD32968 Confination (7 of
C	34	133.4	1.8	219	1	AAV71212	AAV71212 Sequence
C	35	133.4	1.8	219	2	AAO14561	AAO14561 Insert fr
C	36	133.4	1.8	219	2	AAO99159	AAO99159 EcoRI-Bam
C	37	131	1.8	32352	6	ABL56203	ABL56203 AMBPV gen
C	38	130.4	1.7	50000	6	ABL56643	ABL56643 AMBPV gen
C	39	130	1.7	34688	6	ABO67060	ABO67060 Human ang
C	40	129.8	1.7	5286	13	AD89551	AD89551 Oligonuci
C	41	128.8	1.7	32352	6	ABL56203	ABL56203 AMBPV gen
C	42	126.6	1.7	5286	13	AD89527	AD89527 Oligonuci
C	43	126.2	1.7	47108	6	ABK31511	ABK31511 Signal tr
C	44	125	1.7	5979	4	AA545313	AA545313 Chemical
C	45	125	1.7	5979	6	ABK28152	ABK28152 DNA trans

ALIGNMENTS

RESULT 1	AAV27950	AAV27950 standard; cDNA; 2207 BP.
ID	AAV27950	
XX	AAV27950;	
XX	25-MAR-2003 (revised)	
DT	12-OCT-1998 (first entry)	
XX	Polyalgalacturonase genomic DNA.	
DE	Transgenic plant; tissue-specific gene expression;	
KW	fruit-specific expression; polyalgalacturonase; tomato; ss.	
XX	Lycopodium esculentum.	
OS	US5750385-A.	
PN	12-MAY-1998.	
PD	07-JUN-1995;	95US-00484941.
XX	17-JAN-1985;	85US-00692605.
PR	31-JUL-1986;	86US-00891529.
PR	26-MAY-1987;	87US-00054369.
PR	28-JUL-1987;	87US-00078538.
PR	25-JAN-1988;	88US-00147781.
PR	15-MAR-1988;	88US-00168190.
PR	29-APR-1988;	88US-00188361.
PR	07-NOV-1988;	88US-00267865.
PR	21-MAY-1990;	90US-00526123.
PR	09-JUL-1990;	90US-00550804.
PR	14-SEP-1990;	90US-00582241.
PR	08-AUG-1991;	91US-00742834.
PR	10-AUG-1993;	93US-00105852.
XX	(CALJ) CALGENE INC.	
PA	Shenmaker CK, Faciocetti D;	
PI	WPI; 1998-296772/26.	
DR	Producing transgenic plant of modified phenotype - is useful for	
XX		
PT		

expression of heterologous genes which are light-inducible.
Example 174; Fig 8A-C; 68pp; English.

This is the nucleotide sequence of a tomato polygalacturonase genomic DNA clone isolated from a genomic library by screening with polygalacturonase cDNA. The polygalacturonase gene promoter is active in at least the breaker through red fruit stage in tomato fruit, and can be used in a novel method of the invention for producing a plant with an altered phenotype. In this method, regulatory regions from genes expressed during a particular developmental stage or in a specific tissue are identified by cDNA screening. The regulatory regions are manipulated for use with foreign sequences for introduction into plant cells to provide transformed plants having a phenotypic property that can be modulated. The invention is exemplified with light, seed and fruit-specific promoters. Transformation without gall formation of cells which are not Agrobacterium hosts, especially cereals and legumes, is achieved.
(Updated on 25-MAR-2003 to correct PF field.)

Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 2; Length 2207;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2-2e-245;

Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

QY 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATTGATTAATTGAAATCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
DB 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATTGATTAATTGAAATCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
QY 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATATGTTGAAGTTACCAATGCCGTATATTAATCAACT 120
DB 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATATGTTGAAGTTACCAATGCCGTATATTAATCAACT 120
QY 121 TGAATATATATAAAAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAGTATCGAA 180
DB 121 TGAATATATATAAAAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAGTATCGAA 180
QY 181 ATGGTACAAAACATACCATCGCTCACTATTTGACTCCAAATTAATTAATTCACCTT 240
DB 181 ATGGTACAAAACATACCATCGCTCACTATTTGACTCCAAATTAATTAATTCACCTT 240
QY 241 TGAATTTAAATGACTACTTATATTAACAATTCGAAATTTAAATTTAAATATCACTT 300
DB 241 TGAATTTAAATGACTACTTATATTAACAATTCGAAATTTAAATTTAAATATCACTT 300
QY 301 AAAATACAGCGCTCAAAATTTTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
DB 301 AAAATACAGCGCTCAAAATTTTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
QY 361 ACCAAGTACCAATCTATTAATCATTAATCCACCCAAATTCATATCAATTAATTAAT 420
DB 361 ACCAAGTACCAATCTATTAATCATTAATCCACCCAAATTCATATCAATTAATTAAT 420
QY 421 AAAACATCTAATAAACAAGAAATTTGTCGAGTCGAATCGAAGCAACCATTAATTA 480
DB 421 AAAACATCTAATAAACAAGAAATTTGTCGAGTCGAATCGAAGCAACCATTAATTA 480
QY 481 GGTGAGCGGCAATTTAGAGAGACCTTCAATAGTATTTTTCACAGCATGAATTTGA 540
DB 481 GGTGAGCGGCAATTTAGAGAGACCTTCAATAGTATTTTTCACAGCATGAATTTGA 540
QY 541 AATTAAAGTATATGTTAAAGAGTAGTACA-CCGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
DB 541 AATTAAAGTATATGTTAAAGAGTAGTACA-CCGAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
QY 600 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
DB 600 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
QY 660 AAAAAATATATATTAAGTACATCAATTAATTAAGAGAAATTAATTAAGTAGAACA 718
DB 660 AAAAAATATATATTAAGTACATCAATTAATTAAGAGAAATTAATTAAGTAGAACA 718
QY 718 TGAATAGGAATATTAAGAAATTTTGAAGAGTAGAAGAAATTAATTAAGTAGAACA 780
DB 718 TGAATAGGAATATTAAGAAATTTTGAAGAGTAGAAGAAATTAATTAAGTAGAACA 780

QY 719 TAGTGTAAATTAAGTAATGATGGTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 778
DB 721 TAGTGTAAATTAAGTAATGATGGTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
QY 779 AATTATACAAATTAATTTAGCGGCATGTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 838
DB 781 AATTATACAAATTAATTTAGCGGCATGTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 839
QY 839 AAACCGTTAGATTAATGCTCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATATTTAGAG 898
DB 840 AAACCGTTAGATTAATGCTCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATATTTAGAG 899
QY 899 CCAATGGGGGATGAGAAAGATTTTGAACCAATATGATGATGAGAGATTAATTTT 958
DB 900 CCAATGGGGGATGAGAAAGATTTTGAACCAATATGATGATGAGAGATTAATTTT 959
QY 959 GATATATTTCTAATCTTAAAGATTAATTTAGGTCAATTTCCCTCTTAAATTAAGAC 1018
DB 960 GATATATTTCTAATCTTAAAGATTAATTTAGGTCAATTTCCCTCTTAAATTAAGAC 1019
QY 1019 TATAGTGTAGTATCATGAAATATCATATTAATTTCCGTCTTAAATTAATTTTAA 1078
DB 1020 TATAGTGTAGTATCATGAAATATCATATTAATTTCCGTCTTAAATTAATTTTAA 1079
QY 1079 TAAATTTTAAATTAATTAATTTTCCATTTTAACTTTGATGATTAATTTTAA 1138
DB 1080 TAAATTTTAAATTAATTAATTTTCCATTTTAACTTTGATGATTAATTTTAA 1139
QY 1139 AATTACCAATATTAATTAATTAATTTTAAACAAGAAATGTAACATTAATTTT 1198
DB 1140 AATTACCAATATTAATTAATTTTAAACAAGAAATGTAACATTAATTTT 1199
QY 1199 AATTATTCAAAATTAATTAATTTTAAACATCATTAAGAAATGCAACAAAATTAAG 1258
DB 1200 AATTATTCAAAATTAATTAATTTTAAACAAGAAATGTAACATTAATTTT 1259
QY 1259 ACGGAGAGAAACAGCCAGCAACAAATGTCGAAGAACTCTTGGTCTAAATATCTCCA 1318
DB 1260 ACGGAGAGAAACAGCCAGCAACAAATGTCGAAGAACTCTTGGTCTAAATATCTCCA 1319
QY 1319 TCGAATCTAATTAATTAATCCCATTAACATTAACATTAATTAATTAATTAATTA 1378
DB 1320 TCGAATCTAATTAATTAATCCCATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1379
QY 1379 TCTATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 1438
DB 1380 TCTATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 1439
QY 1439 AATAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1498
DB 1440 AATAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1499
QY 1499 TATCTCTCTCTCATTAATTAATTTTGGTCAATTTCACTTTGAAGCAATGTTAT 1558
DB 1500 TATCTCTCTCTCATTAATTAATTTTGGTCAATTTCACTTTGAAGCAATGTTAT 1559
QY 1559 TGATGACAAATTTTCAACAAGTTTATGATTAATTTCTTGAACAAGAAATTTGGTCTA 1618
DB 1560 TGATGACAAATTTTCAACAAGTTTATGATTAATTTCTTGAACAAGAAATTTGGTCTA 1619
QY 1619 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTAGCAAAAATTTTGAAGCAACATTAATTTGCA 1678
DB 1620 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTAGCAAAAATTTTGAAGCAACATTAATTTGCA 1679
QY 1679 GGTGATTAATTAATGAGATTAATGATTAATTAATTTAGGCTTGAAGGATGATG 1738
DB 1680 GGTGATTAATTAATGAGATTAATGATTAATTTAGGCTTGAAGGATGATG 1739
QY 1739 AAAAAATATATATTAATTAATTTTAAATTAATTTTGAAGTATTTTGGGAGATGA 1798
DB 1740 AAAAAATATATATTAATTAATTTTAAATTAATTTTGAAGTATTTTGGGAGATGA 1799
QY 1799 TGAATAGGAATATTAAGAAATTTTGAAGAGTAGAAGAAATTAATTAAGTAGAACA 1858
DB 1799 TGAATAGGAATATTAAGAAATTTTGAAGAGTAGAAGAAATTAATTAAGTAGAACA 1858

PT of interest.

XX Example 9; Fig 8; 65pp; English.

CC The present invention describes genetic constructs (1) for transforming
 CC plants with a DNA sequence of interest, comprising a promoter from a
 CC napin, E9 or acyl carrier protein gene, a DNA sequence of interest and
 CC flanking T-DNA. The constructs can be used for the expression of
 CC heterologous genes in plants. They can be used for modifying the
 CC phenotype of plants. The DNA sequence of interest may encode an enzyme or
 CC may comprise an antisense sequence. The constructs can be used in plants
 CC such as soybean, rapeseed, cotton, safflower or sunflower. The present
 CC sequence represents the polygalacturonase genomic clone

XX Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 3; Length 2207;

Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2,2e-245;

Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

QY 1 AAGCTTCTTAAAAAGGCAATGTGATTAATTGAACTCAAAATATTAATTAACAATGG 60
 DB 1 AAGCTTCTTAAAAAGGCAATGTGATTAATTGAACTCAAAATATTAATTAACAATGG 60
 QY 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
 DB 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
 QY 121 TGATTAAT 180
 DB 121 TGATTAAT 180
 QY 181 ATGTGATAAAATCTACCATCGTCCACCTATTTGACTCCAAAATTAATTAATTCACACT 240
 DB 181 ATGTGATAAAATCTACCATCGTCCACCTATTTGACTCCAAAATTAATTAATTCACACT 240
 QY 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
 DB 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
 QY 301 AAAATACATGCGCTTCAATATTTTAAATATATATATATATATATATATATAT 360
 DB 301 AAAATACATGCGCTTCAATATTTTAAATATATATATATATATATATATATAT 360
 QY 361 ACCAATCTACCAATCATTAATCATTAATCCGACCCAAATTTCTATCAAAATGGCT 420
 DB 361 ACCAATCTACCAATCATTAATCATTAATCCGACCCAAATTTCTATCAAAATGGCT 420
 QY 421 AAACACTACTAAACCAAGCAAGAAATGTTGAGTCCGAAATGGAAGCAACAATCTAAT 480
 DB 421 AAACACTACTAAACCAAGCAAGAAATGTTGAGTCCGAAATGGAAGCAACAATCTAAT 480
 QY 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGGACACTTTCATATAGTATTTTTCAGACATGAATTTGA 540
 DB 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGGACACTTTCATATAGTATTTTTCAGACATGAATTTGA 540
 QY 541 AATTTAAGATTAATGATTAAGAGTATGAC-CCGAAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
 DB 541 AATTTAAGATTAATGATTAAGAGTATGAC-CCGAAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
 QY 600 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
 DB 600 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
 QY 660 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 718
 DB 660 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 718
 QY 719 TAGCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 778
 DB 719 TAGCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 778
 QY 779 AATTATTAACAAATATTTGAGCGCATGTATTTTAAAAAATATTAATTAATTAAT 838

DB 781 AATTATTAACAAATATTTGAGCGCATGTATTTTAAAAAATATTAATTAATTAATTAAT 839
 QY 839 AAACCGTATGATTAATGCTCAATTTTGAACCCAAAGTGAATGAAAGGATATTTAGAG 898
 DB 840 AAACCGTATGATTAATGCTCAATTTTGAACCCAAAGTGAATGAAAGGATATTTAGAG 899
 QY 899 CCAATAGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGATTAATTTT 958
 DB 900 CCAATAGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATATGATGATGAGATTAATTTT 959
 QY 959 GATCAATTTCTAATCTTAAAGATATTTTGAAGTATTTTCCCTCTTAAGTTATAGAC 1018
 DB 960 GATCAATTTCTAATCTTAAAGATATTTTGAAGTATTTTCCCTCTTAAGTTATAGAC 1019
 QY 1019 TATAGTTTATGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1078
 DB 1020 TATAGTTTATGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1079
 QY 1079 TAAATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAATCTTGAATTTGATTAATTTTAAA 1138
 DB 1080 TAAATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAATCTTGAATTTGATTAATTTTAAA 1139
 QY 1139 AATTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1198
 DB 1140 AATTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1199
 QY 1199 AATTATTCAAATTAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATACGACAAATTAAT 1258
 DB 1200 AATTATTCAAATTAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATACGACAAATTAAT 1259
 QY 1259 ACGGAGAAAGACAAAGCCGACAAATTAATGTCAGAAATCTCTTCTGTTAATATCTCTCA 1318
 DB 1260 ACGGAGAAAGACAAAGCCGACAAATTAATGTCAGAAATCTCTTCTGTTAATATCTCTCA 1319
 QY 1319 TCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1378
 DB 1320 TCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1379
 QY 1379 TCTATTAATTAATTAATTAATTTTCCATATCTCTTATCTATTAATTAATTTTTC 1438
 DB 1380 TCTATTAATTAATTAATTAATTTTCCATATCTCTTATCTATTAATTAATTTTTC 1439
 QY 1439 AATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1498
 DB 1440 AATTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1499
 QY 1499 TATTTCTCTTCTCATTTATTTTGTGCTCATGATTAATTAATTAATTTTGAAGCAATGTTAT 1558
 DB 1500 TATTTCTCTTCTCATTTATTTTGTGCTCATGATTAATTAATTTTGAAGCAATGTTAT 1559
 QY 1559 TGATGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1618
 DB 1560 TGATGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1619
 QY 1619 TTTTCAAGCTTATCTTCTTATTTTGAAGCAAAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1678
 DB 1620 TTTTCAAGCTTATCTTCTTATTTTGAAGCAAAATTAATTAATTAATTTTGA 1679
 QY 1679 GGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1738
 DB 1680 GGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1739
 QY 1739 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1798
 DB 1740 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1799
 QY 1799 TGATAGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1858
 DB 1800 TGATAGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1859
 QY 1859 TTAATTTCTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 1916

```

Db      1860 TTAATTTCTCGTTTTAGTAATTAAGTGAAAAATGAGTTTTCTGTAGCGAGGAAG 1919
Qy      1917 CTATTTTCATGCTAGCTATTTTCTTTTCTTTTAAACGTCATAGTATTTGCTAT 1976
Db      1920 TCAATTTTCATGCTAGCTATTTTCTTTTCTTTTAAACGTCATAGTATTTGCTAT 1978
Qy      1977 ACTCAAGAAATTAAGACACTTATTTATGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGATAGTAT 2036
Db      1979 ACTCAAGAAATTAAGACAC-TATATTTGATG-TTTAGTGTCTCGAAAAGAAATGATAGTAT 2036
Qy      2037 TTTGCTTAATTAATCAATTTCTTATATGCTATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCG 2096
Db      2037 TTTGC-TAATTAATCAATTTCTTATATGCTATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCG 2095
Qy      2097 TAATCAATTAAGTGGGCTCTAGATTAAGATAGTCTATTCATTTCTTAACCTTAT 2156
Db      2096 TAATCAATTAAGTGGGCTCTAGATTAAGATAGTCTATTT-ATTTCTTAACCTTAT 2154
Qy      2157 TAATTTTGTGAAACCTCGACAAA 2182
Db      2155 TAATTTTA-TGGAACCTCGACAAA 2179

```

RESULT 4

AAH47384 ID AAH47384 standard; DNA; 2207 BP.

AC AAH47384;

DT 30-NOV-2001 (first entry)

DE Nucleotide sequence of polygalacturonase (PG) genomic clone.

KW Napin gene; promoter; Brassica; phenotype; transcription; EA9; 2A11;
polygalacturonase; ds.

OS Unidentified.

PN US6281410-B1.

PD 28-AUG-2001.

PF 15-JAN-1999; 99US-00232861.

```

XX      31-JUL-1986; 86US-00891529.
PR      26-MAY-1987; 87US-00054369.
PR      28-JUL-1987; 87US-00078538.
PR      25-JAN-1988; 88US-00147781.
PR      15-MAR-1988; 88US-00168190.
PR      29-APR-1988; 88US-00188361.
PR      02-NOV-1988; 88US-00267685.
PR      21-MAY-1990; 90US-00526123.
PR      09-JUL-1990; 90US-00550804.
PR      10-AUG-1993; 93US-00105852.
PR      07-JUN-1995; 95US-00484941.
PR      07-MAR-1997; 97US-00812665.

```

PA (CALJ) CALGENE LLC.

PI Knaut VC, Kridl JC;

DR WPI; 2001-564354/63.

PT Obtaining a plant that produces a seed with a modified phenotype or
altering a seed phenotype, comprises transforming a plant cell with a DNA
construct consisting of operably linked components in the direction of
transcription.

PS Example 14; Fig 8A-C; 68pp; English.

CC The invention provides a method for obtaining a plant which produces at
least one seed having a modified phenotype. The method involves
transforming a host plant cell with a DNA construct which consists of

operably linked components in the direction of transcription, a promoter
region from a Brassica plant gene, a DNA sequence of interest other than
the native coding sequence, and a transcription termination region. The
method is useful for obtaining plants having modified phenotype or for
altering the phenotype of a plant seed or tissue. The DNA constructs are
used in manipulating plant cells to provide for regulated transcription,
such as light inducible transcription, in a plant tissue or plant part of
interest at particular stages of plant growth or in response to external
control. These constructs are also used for modulation of expression of
endogenous products as well as production of exogenous products in the
seed. The present sequence represents the nucleotide sequence of
polygalacturonase (PG) genomic clone

SO Sequence 2207 BP; 870 A; 282 C; 270 G; 784 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 27.1%; Score 2023.6; DB 4; Length 2207;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 2, 2e-245;
Matches 2149; Conservative 1; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

```

Qy      1 AACCTCTTAAAGGCAATGATTAATTTGAAGCAAAATTAATTAATTAACATG 60
Db      1 AAGCTCTTAAAGGCAATGATTAATTTGAAGCAAAATTAATTAATTAACATG 60
Qy      61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGGCTATATTAATCACT 120
Db      61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTGAAAGGTTACCAATGGCTATATTAATCACT 120
Qy      121 TGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 180
Db      121 TGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 180
Qy      181 ATGTACAAACCTACCATCGTCACCTATTGACCTCCAAATTAATTAATTAATTA 240
Db      181 ATGTACAAACCTACCATCGTCACCTATTGACCTCCAAATTAATTAATTAATTA 240
Qy      241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
Db      241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
Qy      301 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Db      301 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Qy      361 ACCAATCAACATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
Db      361 ACCAATCAACATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
Qy      421 AAACCTACTTAACAGAGAAATTTGAGTCCGATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
Db      421 AAACCTACTTAACAGAGAAATTTGAGTCCGATCGAAGCAACCAATCTAATTTA 480
Qy      481 GGTGAGCGCGATTTTGAAGGACACTTTCATAGTATTTTTCAAAGCAATGAATTTGA 540
Db      481 GGTGAGCGCGATTTTGAAGGACACTTTCATAGTATTTTTCAAAGCAATGAATTTGA 540
Qy      541 AATTTAAGATTAAATGTAAGAGTAGTACA-CCGGAATTAATTCATGCCCTTTTAAAT 599
Db      541 AATTTAAGATTAAATGTAAGAGTAGTACAATCCGAATTAATTCATGCCCTTTTAAAT 600
Qy      600 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 659
Db      601 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 660
Qy      660 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 718
Db      661 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 720
Qy      719 TAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 778
Db      721 TAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTA 780
Qy      779 AATAATTAACAAATTTGAGCGCATGTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTA 838

```

D	781	AAATATACAAATATTTGAGGCGCATGATTTTAAAAAATTTAAAT - AGTTGAATTTA	833
Q	839	AAACCGTTAGATTAATGGTCAATTTTGAAACCCAAAAGTGATGAGAGGGATTTTAGAG	898
D	840	AAACCGTTAGATTAATGGTCAATTTTGAAACCCAAAAGTGATGAGAGGGATTTTAGAG	899
Q	899	CCATAGAGGGATGAGAGATTTTGAAGCAAATGATGATGGATGAGATTAATTTT	958
D	900	CCATAGAGGGATGAGAGATTTTGAAGCAAATGATGATGGATGAGATTAATTTT	959
Q	959	GTATCATTTCTTAATCTTTTAAAGATTTTGAAGTATTTCCCTCTTAGTTTATAGAC	1018
D	960	GTATCATTTCTTAATCTTTTAAAGATTTTGAAGTATTTCCCTCTTAGTTTATAGAC	1019
Q	1019	TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTATTATTTCCGTCCTAAATTTTATTTTAA	1078
D	1020	TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTATTATTTCCGTCCTAAATTTTATTTTAA	1079
Q	1079	TAAATTTTAAAAAATAATTTATTTTCCATTTAACCTTGTATGTATTAATTTTAA	1138
D	1080	TAAATTTTAAAAAATAATTTATTTTCCATTTAACCTTGTATGTATTAATTTTAA	1139
Q	1139	AATTACCAACATATTAATTAATTTTAAACAAAGATTGTAACATATATTTT	1198
D	1140	AATTACCAACATATTAATTTTAAACAAAGATTGTAACATATATTTT	1199
Q	1199	AATTATTCMAAATATATTTTAAACATCATATTAAGAAATAGCAACAAAAATTTGAG	1258
D	1200	AATTATTCMAAATATATTTTAAACATCATATTAAGAAATAGCAACAAAAATTTGAG	1259
Q	1259	ACGGAGAAAGACAGCCAGACAAAAATGTCAGAAATCTTTTGTCTAATATCTCA	1318
D	1260	ACGGAGAAAGACAGCCAGACAAAAATGTCAGAAATCTTTTGTCTAATATCTCA	1319
Q	1319	TCCAAACCTAATATATATCCCAATTCATTAACATTAACATTAAGCAACTCAACCCCTTAAA	1378
D	1320	TCCAAACCTAATATATATCCCAATTCATTAACATTAAGCAACTCAACCCCTTAAA	1379
Q	1379	TCTATAAATAGACAAACCCCTCCCATACCTCTTATCATMAAAAAATATATCTTTTC	1438
D	1380	TCTATAAATAGACAAACCCCTCCCATACCTCTTATCATMAAAAAATATATCTTTTC	1439
Q	1439	AATAGACAAAGTTTAAAAACCATACATATTAACATATATCATGGTTATCCAAAGGAATAG	1498
D	1440	AATAGACAAAGTTTAAAAACCATACATATTAACATATATCATGGTTATCCAAAGGAATAG	1499
Q	1499	TATCTCCTTCCTCATTAATTTTGGCTCATCAATTCACCTGTGTAACCAATGTAT	1558
D	1500	TATCTCCTTCCTCATTAATTTTGGCTCATCAATTCACCTGTGTAACCAATGTAT	1559
Q	1559	TGATGACAAATTTATCAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTGGCTCAGA	1618
D	1560	TGATGACAAATTTATCAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTGGCTCAGA	1619
Q	1619	TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAAGCAAAATATGAAAACCAATATATTTGACAA	1678
D	1620	TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAAGCAAAATATGAAAACCAATATATTTGACAA	1679
Q	1679	GGTGTATTAATAAGGATTAAGATTAATGATTAATGTAATTTCTTGAGCTAAGGGGATAGG	1738
D	1680	GGTGTATTAATAAGGATTAAGATTAATGATTAATGTAATTTCTTGAGCTAAGGGGATAGG	1739
Q	1739	AAAAACATATGATTAATTTGTAAGATTTAAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAAA	1798
D	1740	AAAAACATATGATTAATTTGTAAGATTTAAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAAA	1799
Q	1799	TGATAGAAATATTAAGAAATATTTGGAAGATGAAAAGTTATATTTTAAAGTAGAAAA	1858
D	1800	TGATAGAAATATTAAGAAATATTTGGAAGATGAAAAGTTATATTTTAAAGTAGAAAA	1859
Q	1859	TTATTTTCTCGTTTATGATA--TTAAGGTGAAAAGATTTCTCGTTAAGCAGAGAAAG	1916
D	1860	TTATTTTCTCGTTTATGATAAGGTGAAAAGATTTCTCGTTAAGCAGAGAAAG	1919

Oy	1917	CTATTTCGATGGAGACGATTTTCTTACCTTAATPAAGTCATAGATTGGTAT	1976
Db	1920	TCATTTTCCATGCG-AACTGTAATTTTTTTTACTTTTAATBAGCTCATAGATTGGTAT	1978
Oy	1977	ACTCAAGAAATPAAGACACTTATTTATGTATGATTTGATGTCGAAAAAAATTTGATAGTAT	2036
Db	1979	ACTCAAGAAATPAAGACAC-TATTATTTGATG-TTTAGTGCTCGAAAAAGAAATTTGATAGTAT	2036
Oy	2037	TTTGCTTAATATPACTATCTATCAATTTTCTTAATAGTATATTTTTTCACCAAAATPAACAAACCG	20986
Db	2037	TTTTCG-TAAATATPACTATCAATTTCTTAATAGTATATTTTTTCACCAAAATPAACAAACCG	20999
Oy	2097	TAAACCAATPAAGTGGGCGCTTAGAATPAAGAGTAAAGTTCTTATCAATTTCTTAACCTTAT	2156
Db	2096	TAAACCAATPAAGTGGGCGCTCTAGAATPAAGAGTAAAGTTCATTAT-TAATTTCTTAACCTTAT	2154
Oy	2157	TAAATTTAGTGAACCTCGACAAA 2182	
Db	2155	TAAATTTTA-TGGAACCTCGACAAA 2179	
RESULT 5			
AD021594			
ID	AD021594	standard; DNA; 2207 BP.	
XX	AC	AD021594;	
XX	AC		
DT	01-JUL-2004	(first entry)	
XX	XX		
DE	Tomato polygalacturonase gene.		
XX	XX		
KW	Tomato; polygalacturonase; gene; fruit specific promoter; db; plant;		
KW	transgenic; EAg gene; acyl carrier protein gene; protein storage;		
KW	improved nutrient source; enhanced response to light;		
KW	dehydration resistance; herbicide resistance; pest resistance; 2A11 gene;		
KW	ACP; protease inhibitor.		
XX	XX		
OS	Lycopersicon esculentum.		
XX	XX		
PN	US2004055038-A1.		
XX	XX		
PD	18-MAR-2004.		
XX	XX		
PF	12-FEB-2001; 2001US-00782130.		
XX	XX		
PR	17-JAN-1985; 85US-00692605.		
PR	31-JUL-1986; 86US-00891529.		
PR	26-MAY-1987; 87US-00054369.		
PR	28-JUL-1987; 87US-00078538.		
PR	25-JAN-1988; 88US-00147781.		
PR	15-MAR-1988; 88US-00168190.		
PR	29-APR-1988; 88US-00188361.		
PR	02-NOV-1988; 88US-00267685.		
PR	21-MAY-1990; 90US-00526123.		
PR	09-JUL-1990; 90US-00550804.		
PR	14-SEP-1990; 90US-00582241.		
PR	08-AUG-1991; 91US-00742834.		
PR	10-AUG-1993; 93US-00105852.		
PR	07-JUN-1995; 95US-00484941.		
PR	07-MAR-1997; 97US-00812665.		
PR	15-JAN-1999; 99US-00232861.		
XX	XX		
PA	(KNAUF/) KNAUF V C.		
PA	(KRID/) KRIDL J C.		
XX	XX		
PI	Knauf VC, Kridl JC;		
XX	XX		
DR	WPI; 2004-247819/23.		
XX	XX		
PT	New DNA construct comprising a promoter region, a DNA sequence of		
PT	interest and a transcription termination region, useful for producing		
PT	transgenic plants.		

New DNA construct comprising a promoter region, a DNA sequence of interest and a transcription termination region, useful for producing transgenic plants.


```

Db      840 AAACCGTAGAATAATGTCATTTTGAACCCAAAGGAGTAGAAGGATATTTAGAG 899
Qy      899 CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTGAAGCCAAATAGTGATGAGATGAGATATTTT 958
Db      900 CCAATAGGGGGATGAGAGATATTTGAAGCCAAATAGTGATGAGATGAGATATTTT 959
Qy      959 GTATCATTTCTAATCTTTAAAGATTTTGTAGTCATTTTCCCTTCTTAGTTATAGAC 1018
Db      960 GTATCATTTCTAATCTTTAAAGATTTTGTAGTCATTTTCCCTTCTTAGTTATAGAC 1019
Qy      1019 TATAGTGTAGTTCATGCAATATCATCTATATTTCCGTCTTAATATTTTATTTTA 1078
Db      1020 TATAGTGTAGTTCATGCAATATCATCTATATTTCCGTCTTAATATTTTATTTTA 1079
Qy      1079 TAAATTTTAAATAATAATATTTTTCATTTTAACTTGAATGTATTAATTTTAAA 1138
Db      1080 TAAATTTTAAATAATAATATTTTTCATTTTAACTTGAATGTATTAATTTTAAA 1139
Qy      1139 AATTACCAACATATTAATAATTAATTTTAAAGAAATGTATTAATATTTTATTTT 1198
Db      1140 AATTACCAACATATTAATAATTAATTTTAAAGAAATGTATTAATATTTTATTTT 1199
Qy      1199 AATTATTCAAAATAATATTTTAAACATCATATTAAGAAATACGACAAAATAATGAG 1258
Db      1200 AATTATTCAAAATAATATTTTAAACATCATATTAAGAAATACGACAAAATAATGAG 1259
Qy      1259 ACGGGAGAGACAGACGACGACAAATAATGTCCAGAAATCTTTGCTTAATATCTCA 1318
Db      1260 ACGGGAGAGACAGACGACGACAAATAATGTCCAGAAATCTTTGCTTAATATCTCA 1319
Qy      1319 TCCAACTAATATATNCCCATTAACAATTAACCATATTAACCACTGAAACCCCTTAAA 1378
Db      1320 TCCAACTAATATATNCCCATTAACAATTAATTAACCATATTAACCACTGAAACCCCTTAAA 1379
Qy      1379 TCTATAATATGACAAACCTTCCCATCTCTATCTATAAATAATAATATCTTTTTC 1438
Db      1380 TCTATAATATGACAAACCTTCCCATCTCTATCTATAAATAATAATATCTTTTTC 1439
Qy      1439 AATAGACAGTTTAAAAACATACCATATTAACAATATATCATGTTATCCAAAGAAATAG 1498
Db      1440 AATAGACAGTTTAAAAACATACCATATTAACAATATATCATGTTATCCAAAGAAATAG 1499
Qy      1499 TATTTCTCTCTCATTTATATTTTGGCTCATCAATTTCAACTGTGAGAACATGTAT 1558
Db      1500 TATTTCTCTCTCATTTATATTTTGGCTCATCAATTTCAACTGTGAGAACATGTAT 1559
Qy      1559 TGATGACAAATTTATTCAAACAGTTTATGATATATTTCTGACAGAAATTTGCTATGA 1618
Db      1560 TGATGACAAATTTATTCAAACAGTTTATGATATATTTCTGACAGAAATTTGCTATGA 1619
Qy      1619 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAACAAAATATTTGAAGCAATATATTTGACAA 1678
Db      1620 TTTTCAAGCTTATCTTTCTTATTTTGAACAAAATATTTGAAGCAACATATATTTGACAA 1679
Qy      1679 GGTGTAATAAAAAAGGATTAAGTGAATATGATTAATCTTGAAGCTTAAGGGGATGAG 1738
Db      1680 GGTGTAATAAAAAAGGATTAAGTGAATATGATTAATCTTGAAGCTTAAGGGGATGAG 1739
Qy      1739 AAAACATATGATATATTTGATATTTAAATATTTGAATATTTGTGGGGATGAATA 1798
Db      1740 AAAACATATGATATATTTGATATTTAAATATTTGATATTTGTGGGGATGAATA 1799
Qy      1799 TGATAGAGATATAGAAATTTTGGAGAGTAAAGTTATATTTTATTAAGTGAATA 1858
Db      1800 TGATAGAGATATAGAAATTTTGGAGAGTAAAGTTATATTTTATTAAGTGAATA 1859
Qy      1859 TATATTTTCGTTTTAGTA--TTAAGTGAGAAATGAGTTTCTCGTTAAGCAGAGAAAAG 1916
Db      1860 TATATTTTCGTTTTAGTA--TTAAGTGAGAAATGAGTTTCTCGTTAAGCAGAGAAAAG 1919
Qy      1919 CTATTTTCCATGATAGTATATTTTCTTATTAATAGTCAATGATTTTGGCTAT 1976

```

```

Db      1920 TCATTTTCATGCG-AACTGATATTTTCTTTTACTTTAATACGTCAATGATTTGCTAT 1978
Qy      1977 ACTCAAGATATAGACACTTATATTAATGATGATTTAGTCTCGAAAGAAATTTAGTAAT 2036
Db      1979 ACTCAAGATATAGACAC-TATTAATGATG-TTAAAGTCTGAAAGAAATTTAGTAAT 2036
Qy      2037 TTTTGCTTAATATTAATCATATTTCTTATATGATATTTTTCACACCAATAACAAAGCG 2096
Db      2037 TTTTGC-TTAAATATACATATCAATTTCTTATATGATATTTTTCACCAATAACAAAGCG 2095
Qy      2097 TAAATCAATATAGGGGCTCTAGATATTAAGATTAAGTATCAATTCATTAACCTTAT 2156
Db      2096 TAAATCAATATAGGGGCTCTAGATATTAAGATTAAGTATCAATTCATTAACCTTAT 2154
Qy      2157 TAAATTTAGTGGAAACCTTGACAAA 2182
Db      2155 TAAATTTTA-TGGAAACCTTGACAAA 2179

RESULT 7
AAQ38415
ID AAQ38415 standard; DNA; 1636 BP.
XX
AC AAQ38415;
XX
AC 27-AUG-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 05-JUL-1993 (first entry)
XX
DE Polygalacturonase cDNA clone pTOM6.
XX
KM polygalacturonase; PG; pectin esterase; PE; expression regulation;
KW fruit softening enzymes; flowering plants; fruiting plants;
KM antisense RNA.
XX
OS Lycopersicon esculentum.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 51..1422
FT FT /*tag= a
FT FT /label= polygalacturonase (PG)
XX
PN BP532060-A1.
XX
PD 17-MAR-1993.
XX
PF 06-NOV-1987; 92BP-00117411.
XX
PR 11-NOV-1986; 86GB-00026879.
XX
PA (ICIL ) IMPERIAL CHEM IND PLC.
PA (ZENB ) ZENBECA LTD.
XX
PI Bridges IG, Grierson D, Schuch W;
XX
XX WPI; 1993-087084/11.
XX P-PsDB; AAR32107.
XX
PT Recombinant DNA for flowering and fruiting plants e.g. tomatoes ripening
PT control - comprises base sequence for transcription contg. inverted
PT sequence of bases complementary to bases in anti sense ribonucleic acid
PT encoding softening enzymes, or gene expression regulation.
XX
XX Example 12; Fig 1; 20bp; English.
XX
CC This is the sequence of clone pTOM6 which contains the coding sequence of
CC polygalacturonase (PG). It was used to isolate the PG promoter in the
CC construction of a vector encoding antisense RNA to the PG cDNA and PG
CC gene. This would be useful to regulate the expression of the fruit
CC softening enzymes in flowering and fruiting plants. Such antisense RNA
CC would delay fruit softening. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PN
CC field.) (Updated on 25-MAR-2003 to correct PF field.) (Updated on 25-MAR-
CC 2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)

```

XX Sequence 1636 BP; 598 A; 232 C; 290 G; 516 T; 0 U; 0 Other;
SQ
Query Match 6.2%; Score 462; DB 2; Length 1636;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-49;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAATGCTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 6844
Db 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAATGCTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 1220
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATGCGACCAAACTTTCATGTGAAGATTTATATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATGCGACCAAACTTTCATGTGAAGATTTATATG 1280
Qy 6505 GAGAAATTAATTTAGTGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGCTACGTCGAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGTGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGCTACGTCGAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAATTTGAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAATTTGAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATTAATCTTCAATATATAGCAGATATGA 7084
Db 1401 GAAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATTAATCTTCAATATATAGCAGATATGA 1460
Qy 7085 TATATCAATTAACAATCTATATCTATGTTTGAATTAATTTATTAATGATGCGA 7144
Db 1461 TATATCAATTAACAATCTATATCTATGTTTGAATTAATTTATTAATGATGCGA 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGAGAGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAATGTACAAAATTAATAAATGTTTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAATGTACAAAATTAATAAATGTTTATTTATATGA 1622
RESULT 8
AAC84653
ID AAC84653 standard; cDNA; 1636 BP.
XX
AC AAC84653;
XX
DT 20-APR-2001 (first entry)
DE cDNA sequence of PTOM6 encoding a polygalacturonase (PG) enzyme.
XX
KW Pectin; pectin methyltransferase; PME; polygalacturonase; PG; tomato;
KM food product; yogurt; milk; fruit juice; whey drink; de-esterification;
XX PTOM6; ss.
XX
OS Lycopersicon esculentum.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 51..1424
FT /tag= a
FT /product= "PG enzyme"
PN MO200078982-A1.
XX
PD 28-DEC-2000.
XX
PP 15-JUN-2000; 2000MO-IB000869.
XX
PR 17-JUN-1999; 99GB-00014209.
XX
PA (DANIT-) DANISCO AS.
XX
PI Christensen TMIR, Kreiberg JD;
XX

DR WPI; 2001-091573/10.
DR P-PSDB; AAB48338.
XX
PT Modifying pectin, for foodstuffs preparation, involves transforming host
PT having pectin methyltransferase (PME) and polygalacturonase (PG) activity by
PT silencing PG activity, to increase PME to PG ratio.
XX
PS Claim 6; Fig 1; 78pp; English.
XX
CC The invention provides a new method for modifying pectin that involves
CC providing a host having pectin methyltransferase (PME) activity and
CC polygalacturonase (PG) activity, transforming the host by silencing PG
CC activity to provide an increased PME to PG ratio, preparing a PME extract
CC from the transformed host, and using the PME extract to modify pectin. A
CC PME modified pectin is useful for foodstuffs preparation, and to impart
CC an increased functionality to food products such as yogurt, milk/fruit
CC juice and whey drinks. PME is useful to reduce the number of ester groups
CC in a pectin in a block-wise manner, and to de-esterify two or more
CC adjacent galacturonic acid residue of a pectin on at least substantially
CC all of the pectin chains. The present sequence represents the cDNA
CC sequence of PTOM6 encoding a PG enzyme. A nucleotide sequence (seq Id No.
CC 3) encoding the PG enzyme which is deposited as PTOM23 with NCIMB
CC (Accession number 12373) is also claimed. The sequence for seq Id No. 3
CC is not provided in the specification
XX
SQ Sequence 1636 BP; 598 A; 232 C; 290 G; 516 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 6.2%; Score 462; DB 4; Length 1636;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-49;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAATGCTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 6844
Db 1161 CAGTTTCAGCAGTTCAGTAAATGCTGATGAGATATCAAGGCGACAAGTGA 1220
Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATGCGACCAAACTTTCATGTGAAGATTTATATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATGCGACCAAACTTTCATGTGAAGATTTATATG 1280
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGCTACGTCGAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGTGGGAAAGTGAAAACCATCAGAGCTACGTCGAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAATTTGAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTAGAATTTGAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATTAATCTTCAATATATAGCAGATATGA 7084
Db 1401 GAAGCTCTTTGATTAATTTATTAATTTATTAATCTTCAATATATAGCAGATATGA 1460
Qy 7085 TATATCAATTAACAATCTATATCTATGTTTGAATTAATTTATTAATGATGCGA 7144
Db 1461 TATATCAATTAACAATCTATATCTATGTTTGAATTAATTTATTAATGATGCGA 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGAGAGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGAGAGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAATGTACAAAATTAATAAATGTTTATTTATATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAATGTACAAAATTAATAAATGTTTATTTATATGA 1622
RESULT 9
AAN91112
ID AAN91112 standard; DNA; 1624 BP.
XX
AC AAN91112;
XX
XX 25-MAR-2003 (revised)
DT 21-JUN-1990 (first entry)
XX

Db	1401	GAAGCTCTTTGGTAAATTTAAATTTTACTATGATGACCTTCMAATATATACAGATTAGA	1460
Oy	7085	TATATACAAATMAAATCTATATCTATGTATGAATTAATATATATATGATGACGA	7144
Db	1461	TATATACAAATMAAATCTATATCTATGTATGAATTAATATATATGATGACGA	1520
Oy	7145	TTGAAGTTTATATAGACTACTATGTATTTCTATTTCTAGTCMAAG-TTGAAGATTG	7203
Db	1541	TTGAAGTTTATATAGACTACTATGTATTTCTATTTCTAGTCMAAAGTTTGAAGATTG	1580
Oy	7204	TACTTTTATGTACAAAATATATAATGGTATTATATAGA	7246
Db	1581	TACTTTTATGTACAAAATATATAATGGTATTATATAGA	1623
RESULT 11			
ABZ10246			
ID	ABZ10246	standard; DNA; 8056 BP.	
XX	ABZ10246;		
XX	ABZ10246;		
DT	16-JAN-2003	(first entry)	
DE	Haematopoietic cell proliferation disorder related DNA sequence #386.		
XX	Human; haematopoietic cell proliferation disorder; cytostatic;		
KW	gene therapy; lymphocytic leukaemia; acute myelogenous leukaemia;		
KM	cytosine methylation state; gene; ds.		
XX			
OS	Homo sapiens.		
PN	MO200277272-A2.		
PD	03-OCT-2002.		
XX			
PP	26-MAR-2002; 2002WO-EP003401.		
XX			
PR	26-MAR-2001; 2001US-0278333P.		
XX			
PA	(EPFG-) EPIDEMIOLOGICS AG.		
XX			
PI	Berlin K, Braun A, Discler J, Guetig D, Howe A, Mueller J;		
PI	Olek A, Piepenbrock C, Adorjan P, Grabs G, Lesche R, Lew E;		
PI	Lewin A, Lipscher E, Maier S, Model F, Mueller V, Otto T, Pelet C;		
PI	Schwope I, Ziebert H;		
XX			
DR	WPI; 2003-018942/01.		
XX			
PT	Detecting and differentiating between hematopoietic cell proliferative		
PT	disorders, comprises contacting a target nucleic acid with a reagent that		
PT	distinguishes between methylated and non-methylated CpG dinucleotides.		
XX			
XX	Claim 28; SEQ ID NO 386; 117bp; English.		
XX			
CC	The present invention describes a method for detecting and		
CC	differentiating between haematopoietic cell proliferative disorders		
CC	associated with at least 1 gene and/or their regulatory regions in a		
CC	subject. The method comprises contacting a target nucleic acid in a		
CC	biological sample obtained from the subject with at least 1 reagent,		
CC	which distinguishes between methylated and non-methylated CpG		
CC	dinucleotides within the target nucleic acid. ABZ09861 to ABZ11118		
CC	represent specifically claimed nucleotide sequences from the present		
CC	invention. Oligonucleotides from the present invention can be used: for		
CC	differentiating between healthy haematopoietic cells and proliferative		
CC	disorder haematopoietic cells; for differentiating between acute		
CC	lymphocytic leukaemia and acute myelogenous leukaemia; as probes for		
CC	determining the cytosine methylation state and/or single nucleotide		
CC	polymorphisms (SNPs) of haematopoietic cell proliferation disorder		
CC	related sequences and their complements; and as primers for the		
CC	amplification of haematopoietic cell proliferation disorder related DNA		
CC	sequences. The nucleotide sequences from the present invention can also		
CC	be used for detecting a predisposition to, differentiation between		

CC	subclasses, diagnosis, prognosis, treatment and/or monitoring of
CC	haematopoietic cell proliferative disorders. The present method enables a
CC	highly specific classification of haematopoietic cell proliferative
CC	disorders allowing for improved and informed treatment of patients
xx	
8Q	Sequence 8056 BP; 3711 A; 0 C; 371 G; 3974 T; 0 U; 0 Other;
Query Match	4.5%; Score 331.8; DB 8; Length 8056;
Best Local Similarity	44.2%; Pred. No. 4.2e-33;
Matches 3283;	Conservative 0; Mismatches 3952; Indels 200; Gaps 38;
QY	105 TATATATTAATCACTGATATATATTAATAAATTTCAATTCGAAAAGGGCTAAATAT 164
DB	166 TATTTTATATATTTTATTTTATATTTATATTTATATTTATTTTATTTTAAATA 225
QY	165 TCTCAAGATATCGAAATGGTACAAAACATACCGCGCCACCTATGACTCCAAAATTA 224
DB	226 TTTTAAATTTTAAATAATTTAAATAATTTTAAATTTTAAATTTTATTAATTAATAA 285
QY	225 AATATATATACCACTTGAAGTTTAAATTTGACTATATATACAAATCTTAATTTTAAAC 284
DB	286 AATTTTATTTTATTTTAAATTTATTTTAAATAATTAATTAATAATAATAATAAAT 345
QY	285 TATTTTATACCTTTTAAATAATCAATGCGCTCAATTTTATATATTTATTTATTAAGA 344
DB	346 AATATATATTTTAAATAAATAAATAATGAAATTAATTTTATATTTTAAATTTTAA 405
QY	345 TATGATTTATTAACCAACCAACCTCAACATCATTAATCATTAATCCACCAATTTCTA 404
DB	406 ATAAATATATTTTATTAATTTATTTTATTTTAAATAATTAATAAATAAATAATTTTAA 465
QY	405 CTATCAAAATATGCTCTTAAACACTACTATAAACAAGCAAAATGCTGAGTCCGAAATCGAA 464
DB	466 AAATTAATAATATTTTAAATTAATAAATAATTAATAATTTTATATATTTTAAATTAATAAT 525
QY	465 GCACCAATCTAATTTAGGTGAGCCGCAATTTTGAAGAGACATTTTCAATATGATTTTTT 524
DB	526 TATATATTTAAATTTAAATTTTAT - - ATATATTTTATTAATGTTTATTTATTTAAATTT 582
QY	525 TCAAGCATNGAATTTGAAATTTTAAATTAATTAAGTAAAGATAGTACCCGAATTAATTC 584
DB	583 ATATTTATTAATAATTTTATTAATAAATAATTAATAATTTTAAATTTTAAATAATA 642
QY	585 ATGCGCTTTTAAATTAATTAATTAATAATTTTGAATTTGTTTAAATATTAATAACTTG 644
DB	643 ATTTTAAATTAATAATTTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATTTT 702
QY	645 AATATATTTTAAATAAATAATTAATCTATTAAGTACATCATTAATTGAGACAGAGAT 704
DB	703 TATATTTTAAATTTTAAATAATAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAAT 762
QY	705 AATTAAGATGAACATGCTTTATTAATGAATGAATGGGTAGTAATTTTATTAATTAAT 764
DB	763 TTAATTTAAATTAATAATTAATTAATTTTATTAATTAATTTTAAATAATTTTAAATGA 822
QY	765 ATATCAATTAAGTAAATTAATAACAATAATTTGAGCGCATATTT - TTAATAAATAATTA 822
DB	823 TTTTAAATATTTTATTAATAAATAATTTTATTTTATTTTATTTTATTAATTAATAAATTT 882
QY	823 AATAAGTTGAATTTAAACCGTTAGATTAATTAATTTGCAATTTTGAACCCAAAGTGATGA 882
DB	883 TGTATATTTTAAATTTATATTTTAAATTTATTTTGTGTTTGTATTAATAATTTTAAATTT 942
QY	883 GAAGGATTTTAAAGCCATTAAGGGGATGAAGATTTTGAAGCAATATGT - - - 938
DB	943 AAAATTAATTTTATTTTATTTTAAATGAATTAATAATTAATTAATTTTAAATA 1002
QY	943 -GATGATGAGAGATAATTTGATCAATTTCTAATTTTAAAGATATTTTAGGTCATTT 997
DB	1003 ATAAATATTTTAAATAATTTTATTTATTTTATTTTGAATTTTATTAATTAATTAATA 1062
QY	998 TCCCTTCTTAAGTTATAGACTATAGTGTAGTTCAATGAATATCATCTATTAATTTCCGT 1057

```
Dh 1063 AAAAAATTTGTTTTAATTTGTTTTTTTTTAATGTTTTAAATGTTAATATTGTTTT 1122
Qy 1058 CTTAAATATTTTATTTTATTTAATAATTTTAAAAATTAATTTTTCATTTACTT 1117
Db 1123 TTAATATTTTGTGATTTGAAAATTTTAAAA-----TTAATATTTTGTGAT 1171
Qy 1118 TGAATGTAATTAATTTTAAAAATTAACAACATTAATAAATTAATTAATTAACAAGA 1177
Db 1172 TATTAATTAATTTAATTAATAATTTTAATTTTAATTTAATTTTAAATTAATAAT 1231
Qy 1178 ATTGTAACATTAATTTTATTTAATTAATCAAAATTAATTTTAAACATATATAAAG 1237
Db 1232 AATTTTGTGAAATTAATAAATGTTAATGTAATTAATTAAT-----ATAAATG 1284
Qy 1238 AATAAGCAAAAAATGAGACGGAGAGACAGACCAAAATGTCAGAAACT 1297
Db 1285 TAAATTTTAAAAATTAATAATTAATAAATTTTATTAATTTTAAATTAATAAT 1344
Qy 1298 CTTTGTCTAAATCTCTCATCCAACTAATATAATCCCATTAACAATTAACATATTG 1357
Db 1345 AATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATGATT 1404
Qy 1358 ACCAATCAAAACCCCTTAAATCTAATAATGACAAACCCCTCCATACCTTATCATTA 1417
Db 1405 TTTTATTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATTAATAAATTAATTTTATATA 1464
Qy 1418 AAA-AAAAATAATCTTTTCAATAGACAGATTAAAAACCATCACTAATACATAT 1475
Db 1465 AATTAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1524
Qy 1476 ATCAATGTTATCCAAAGAAATGATATCTCCTCTCATTAATTTTGTCTTCATCAAT 1535
Db 1525 GTTAAAAAATTTTAAATTAATAATTTTAAAAA-ATTAAATTAATTTAAATTT 1583
Qy 1536 TCAATCTGTAGACCAATGTTATGATGACATTTTCAAAACAAGTTTATGATAATTT 1595
Db 1584 TTAATTAATTAATTAATTAATTAAT-ATTTTAAAAAATGGAATTAATGATTAATTT 1642
Qy 1596 CTTGAACAAGATTGCTCATGATTTCAAGCTTATCTTTCTTAATTTGACAAAAATTT 1655
Db 1643 AAAAAAATTAATTTAATTAATGATMAAA--TTTAAATTTTAAATTTAAATTT 1700
Qy 1656 GAAAGCAACATATATTTGACAAGTGTGATPAAAAATGGAATTAAGATTAATGACTT 1715
Db 1701 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTAATAAATTAATAAATAA 1760
Qy 1716 AGCTTGAAGTAAAGGTGATGAAAAACATGATATATGTAATTTAAATATTG 1775
Db 1761 ATTTTAAATTTAAAAAATTAATAATTAATGATTAATTTTAATTAATTAATAA 1820
Qy 1776 GAATATATTTTGCGGGATGAAATNGATAGAAATTAAGAAATTAATTTGAGAGTAA 1835
Db 1821 ATAAAAATTTGTTTAAAAAATTAATAAATTAATAAATTAATAAATTTAAATTT 1877
Qy 1836 GTTAATATTTTAAAGTAAATTAATTTCTGTTTTAGTATTAAGGTAAGAAATGACT 1895
Db 1878 TTTTATTTTATTTTATTAATTAATAAATTTTAATAAATAAATTAATTAATA 1937
Qy 1896 TTTCTGTAAAGCAGAAAAAGCTATTTCCATGCTAATCTGATTTTAAAACTTTTAA 1955
Db 1938 ATATAAATTAATAAATTAATTTTAAATAAATAAATTAATAATTAATTTAATTA 1997
Qy 1956 TAACGTATATGTTTGTATATCTCAAGATTAAGACATTAATTTGAGATTAGTGT 2015
Db 1998 ATTTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATAATTAATTTTAAATTTTAAATTTT 2057
Qy 2016 CGAAAAAATTAATGTAATTTTGTATAATAATCAATTTCTTAATATGTAATTTT 2075
Db 2058 AAAAAATTTTATTAATAAATTTTAAATTAATTAATAATTAATTAATTTAATTAAT 2117
Qy 2076 TTCAACCAAAATTAACAAGGTAAATCCAAATAGTGGGCTGTAGAAATAAGTAAGTTC 2135
Db 2118 AATTTTAATTAATTTTATTTTATTAATAAATTAATAA---ATTAATAAATAAATAATAT 2173

Qy 2136 TATTCAAATCTTAACCTTATTTAATTTTATAGTGAACCTCGACAAAAACGACAAACGTA 2195
Db 2174 AATTTTATTAATAATTTAATAAATAAATGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATTTTATTT 2233
Qy 2196 TTCAACCTTTAATTTGGAATTCGAGACCAACCATATGAAACACCTCACATGCAAT 2255
Db 2234 TAATAAAAATTTAATTTTAAATTTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATTTTAAATTT 2293
Qy 2256 AGTCCTAATATATTAATTTTCTAATAAATAATCTCAATCTACATTAATTTGAATTTGA 2315
Db 2294 ATTTATTTTAAATAATTTATTAATTTTGTATTTAAATTAATTTTATTTAATTTTAA 2353
Qy 2316 AAAATGACTTTATCTCATGCAACATATACAGAGTTCTTTAAGAATTTACACTA 2375
Db 2354 ATATAATTTTAAATTTTAAATAAATTAATAAATTTATTAATTTTGAATAATTA 2413
Qy 2376 CATTTGTAATGTTCTTATCGTTTAAATTAATTTCTTCAAGCATTTGAGCAACATGGA 2435
Db 2414 AAAAAATTAATTTATTTATTT-ATTAAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTTT 2471
Qy 2436 TGAAGCATGTCATCTAGAACACCTGTCATTTGTGTTCTTAAAAACAAGATTAATCT 2495
Db 2472 TTTATTAATTTGTTTAAATA-ATTAAATTAATTAATGAAAAATTAATAAT 2528
Qy 2496 TCTCAAGCAATCACCTTTCAAGTCCATGCAATCTTCTAATTTAGTAAGGTTAGCAT 2555
Db 2529 TAAATTAATAAATAATTAATAAATAATTTAAATAATTTTAAATAAATAAATAAATAA 2588
Qy 2556 ATGATTAATTAATTAATCTTGTGTAGCAATTAATTAATCTGTTTATGACAAATTTAAG 2615
Db 2589 ATAAATGAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2648
Qy 2616 AAAGTAATCAAGATGATTAACAATGAATTTGCTCACTAATTTAGCGGATTAAGTGAAG 2675
Db 2649 TTAATAATTTAAATTTTAAATAAATAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 2708
Qy 2676 AATTAATCAAAATGTAATGTTAGCTATGAGCAACTGATTAAGTAATGCTATGTAAGAG 2735
Db 2709 TTTTATTAATA-----AAATTAATTTGTTAAATTAATTAATTAATAA 2749
Qy 2736 TTGATGCTAATCTAATTTTATTTTGTAGAGTAAGATTAATTTGAACACATGATTT--A 2793
Db 2750 AATAAATAAATAATTAATTAATGTTATTTAATTTAATTAATTAATTAATTTGTTATTA 2809
Qy 2794 ATTAATTAATTAATGCTTAATTAATTAATGCAATGCAATGCTAATTAAGAACTGTCAA 2853
Db 2810 ATGTTATTAATAATTAATTAATGATTAATTTTAAATAATTAATAAATTTGAATAATTTTA 2869
Qy 2854 AGAAATTAAGAAATAATTTATTTTAAATAATTAATAAATAAATAAATAATTAATAA 2913
Db 2870 TGAATAAATAATTTGTGAAAAAATAAATAAATTTGAATAAATAAATAAATAATTT 2929
Qy 2914 AATTCAAAGCAGAAAGTATTAATTAATTAATGCAATGCAATGCTAATTAAGAACTGTCAA 2973
Db 2930 TTAATAAATGTAATAATTTAATGATTAATTTGTTAATAAATAAATAAATAATTAATGA 2989
Qy 2974 AAAACAGACATACATATCTAATTAAGCTCAATTAATGATTAATAAATAATTAAGTGTAA 3033
Db 2990 AAAATGATTAATTTTAAATAATGATGATTTAAATTTTAATAAATAAATAAATAAATAA 3049
Qy 3034 GCAACAGTTATCCCTACAAAACTTTTGTGGGTAGATGATGATCAGAGGTTTTCAGAA 3093
Db 3050 ATAAATGTTAT-----AATGGAATGAATAATTTGAATTAATTTTAAATTTTAAATG 3099
Qy 3094 CTCTGCTTAAAAAATAATTTTCTAATAATTAAGTTTGAAGAATAATTAATGATGAATA 3153
Db 3100 TAATTTAATAAATAATTAATTTTAAATAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTT 3159
Qy 3154 ATATGAAGAAAAACATATCAATTAATAAATAATTAATAAGTAATCAAAAGTAACGAATAAC 3213
Db 3160 ATATATTAATTTTAAATTAATAATTTTAAATAAATAATTTGTTGTTGAATTTGTAATTA 3219
```


Db	5372	ATTGTGAATATGATGATAAAATTATGATGTTATTTAAAAATTATGAAAAATTTHA	5431
Qy	5385	TCATTAAGACTAAATATAGAGAAATCAATATATTGAGGATCAAAAATGTTATACCTAT	5444
Db	5432	TTAAAAATGAAATTTTATTTGTTGGAATTTTTTTTTTAAAAATGTTGTAATGTAT	5491
Qy	5445	TAAATACATTCATTCATTTTCAATTAATTAATTAAGATGTTTATATATCATATA	5504
Db	5492	TTTATTTGTTGATTTTTTTTATTTTATGATGTTGTTGTTTATTTTATTTTAT	5551
Qy	5505	AAAACAGCAATATTTATGACGAATGCGTT---TGGTACCTATATCTTTCTGAAT	5560
Db	5552	AAAATATATATATGAAATTAATAATTTGAAAATGATTTTATATTTAATGTGAT	5611
Qy	5561	ATTGCTATTTTCTCTTTTATTTTTCATGGAATTACTATGGAAGCTTACGATCT	5620
Db	5612	TTTTTTTTTGTTTTTTTTTTGTAAATTTTTTAAAAATTTATTTTTTGAATATAA	5671
Qy	5621	GGAAATTCGAAGC-----TTATGTCATATGTTACTGTAAATGGAAGCCAAAT	5670
Db	5672	AAAAAATTAATAATGATGAAATTTGATGATGATGATGATATATATTTGAAAT	5731
Qy	5671	TATCGTGCCGAANAAGATAGATGACAGCTTGGAG--GTACCTCCCCCCCCC	5728
Db	5732	TTTTATTTGTTAAATTTTGTATATATAAAATGATTAATGAAATTAAGAAAAA	5791
Qy	5729	CCCCCCCACAGGCCATTTTTTAAATTTTTTAAATTTTTTATTCGAATCAATATA	5788
Db	5792	ATTTTTTTTTTTTTTTTATGTTTTTATTTTAAATTTGAAAAATTTTAAAAA	5851
Qy	5789	AAGATTATTTGATTTGATGTTGAAATTTTATTTGGATTAAGTATGATTTTACTAGC	5848
Db	5852	AAAAATAAAAAATAAAAAATAAAAAATTTAATGAATTAATGAATATTTTAAT	5911
Qy	5849	TTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTCAGAACTTCAGATTATTTGATCCGACTAG	5908
Db	5912	TTTAAATATATATATAAATAAATAATGTAATTAATTAATGTTTATTTT	5971
Qy	5909	TGTAAATGCTGCTGTTGTTAGAAATTTGTTATTCAGTTTGGTTCATGATTAAC	5968
Db	5972	TTTTATTTTTTTTTTAAATTTTTTTTTTTTTTTTATTTTGTAAATATTTTATA	6031
Qy	5969	AACTTATTAATGAAAAAGGGCTGCAAGCGGCCACTAGTGTATGATATAG---	6024
Db	6032	ATTAATTTGATTTTTTATTTATTAATTAATTAATTTGTAATTAATTAATTTTAT	6091
Qy	6025	---GAGATCTCAGCTGTTTATTCAGATGACGTTCTGTTGATGATTTAATATAT	6081
Db	6092	ATTGAATGATATATGTTTATGTTATGTTATGTTATGTTATTAATTAATTAAT	6151
Qy	6082	AAATTTATTAACATGTAATTTAAGCATTTAATTAATTAATGCTTTAATATGAGGA	6141
Db	6152	TGTTAAATTTAAAAAATATGTTTATTTAATTTAAAAATTTTAAAAAATAAAAA	6211
Qy	6142	GGAATCTGACAGACATGACATCAATTTCTGAATGTGAAATGCAAGACGTTAAT	6201
Db	6212	AAAAAATATTAATAAGTGTGTTTAAATGTAATAATTAATTAATTAATTAAT	6271
Qy	6202	CCGATATTAATGACAAAACTAT-TGTATGAGTTGAACATGTAACAACAGTAT	6260
Db	6272	TAAAAATATTAATAAATAATGATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6331
Qy	6261	TTTTTATTAACGACATTTATTAATTTTATTAATCTTAATCACTTACATTA	6320
Db	6332	TATGATATTTAAAAATGTTATTAATTAATTTTATTAAT---TTATTAATAA	6387
Qy	6321	AACCTTGAGATCTTTTCACTAGTAGAATTTTGAATAGATTTTATGAATATGATAT	6380
Db	6388	ATTATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATTT	6447
Qy	6381	TCATTAATCTTTTATTTTCTTAATTTAATGATCTTTGACTATGCTGA-----	6434
Db	6448	AAATTTTAAATTTTATTTTAAATTAATTAATTTGTTTTTATTTTAA	6507

Qy	6435	-----AAATCTGTTAAAGTAACGTGAATTCATTAAGAAAAATGTTAGTTAAT	6487
Db	6508	TTTTTGTAAATTTTGTATGAAAAATGTATTAATTTTAAAAATATTTATTTATTT	6567
Qy	6488	CTAAATTTTTTATTAATTAATTAAGACGTTATCTAATTTTTGTATGTAAATGAGAACA	6547
Db	6568	AAATTAATTAATAAAGAAAAAATTAATTTTATTTTATTAATTTAATTTATTTAT	6627
Qy	6548	TATACATAAAACATTTGATTTGAAATTTAATTAATCTAATAATTTGATTTCAATCATCA	6607
Db	6628	TTATTTTATGTTTATTAATGAAATTTTTTAATTTTATTAATTAATTTTAAAAAATA	6687
Qy	6608	TGACTACACAAACGAATTAACGAGATTTCTCAACATATAGATGAAGCTTTCAAAAG	6667
Db	6688	ATTTTTTATATGTTTATTAATGATTTGATTTAATTAATTTTGAATTTGAAATTTA	6747
Qy	6668	AATCAATATAGTAGATATATCTTAANAAGAGCATTTGGTAAATTAAGTAAAAATCA	6727
Db	6748	AAATTAATAATTAATAAGAAAAATATAAAAAAATTAATAATTTGAAATTTGAAAT	6807
Qy	6728	TTAAGTTATTAATAAATTTCTAATCGATCTCTCAGATTTATTTATGACTTTGTCAG	6787
Db	6808	GATTTTTTAAAAAATAAATAAATTTTAAATTTGAATTAAGAAAAATTAATAA	6867
Qy	6788	TTTTGACGACTTCAGTAAAAATGCTGTATGAAATATCAAGGCCAAGTCAACA	6847
Db	6868	TTTTTATTAATAAATAATTTTATTTTATTTTATTTTGAATA-----AATGAAATGTT	6919
Qy	6848	AAGTGGCCATTAATTTGATGACGACAACTTTCATGTAAGGAATTAATGAG	6907
Db	6920	AAATTTTTTTTAAATTTTTTTTTTT-----TTTTTATTAATTAATAAATGATTAATA	6970
Qy	6908	AAATTAATTTATAGAGGAAATGGAACATCAAGAGCTTACGTCAAAAATGTCAT	6967
Db	6971	TATAAAAAATATATGATTTTAATTAATAAATAAATAAATAATTTATTTGATTTTT	7030
Qy	6968	TTTAACATGCTGAACATTTACACACACATGCTTCACTGAATTTACAGAGATGA	7027
Db	7031	TTTTAAAAAATAAATAATTTAATTAATAATTTAATTTTAAATATTTAATTT	7090
Qy	7028	GCTCTTGTATTAATTTAATTTATATATCTTCAATATATATGACATATGATAT	7087
Db	7091	TTTATTTATTAATTTAATTTTATTTTAAATATTAATAAATAAATAATTAATTT	7150
Qy	7088	ATCACAATTAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATGATGATG	7147
Db	7151	GTAATGATATTTATTTATTTATTTATGTTTGAATTAATTAATTTAATTTTATATA	7210
Qy	7148	AAGTTTAAATTAAGCTATGATTTCTAATTTCTAGCAAAAGTTGACGATGTACT	7207
Db	7211	TAAATTTATTTTAAAAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTTTGAAT	7270
Qy	7208	TTTTTAATGTAACAATAATTAATGTTATTTATTAATGATGATATATCCCTTGGTAT	7267
Db	7271	TTTTTATTTATTAATTTATTTATGATTAATAAATAAATAAATAATTTTATTTATTT	7330
Qy	7268	TCTGTGAACATAATGATATTTAATTAATTAATTAATCTGTC-----AATGAT	7319
Db	7331	TTTTATTTAAAAATTTTAAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATAA	7390
Qy	7320	GTAATTTGATATGATATATATCTTTCATGATGATTAATTAAGATTAATAATTTTA	7379
Db	7391	ATAATTTGAAAAAATAAATAATGATATTAATTAATTAATTTTAAAAATTAATTT	7450
Qy	7380	CGTCAATACTTTGGAATTAATTAATGATTTTATGATTTTATTTTATTTTATTT	7434
Db	7451	TGTTAAATTTAATTAATTTAATGTTTAAATTAATAATAATAATAATTTTAAAT	7505

Db	6615	TAAGTATATATAAAATATAATATTTTTTTTCATTTTAAATTTAAATTTAAATATAA	6556
Qy	1254	-----TTAGACGGGAGAGACAAGCCGAGCAAAAATGTCAGAAACCTTTCGCT	1306
Db	6555	TATATTTTAAATTTAAATATAACATTTTTCATACAAAATTTTCAAAAATTTAAATAAACA	6496
Qy	1307	AAATATCTCATCCAACTATATATAACCATTCACATTAACCATATGACCACTCA	1366
Db	6495	AAATATATAAAACAAATATTTTATTTTATATATATAATTAATTAATTAATTAATTA	6436
Qy	1367	AACCCCTTAATAATCTATTAATAGACA-----AACCCCTCCATCCTTTATCTATAAA	1421
Db	6435	AAATATTTATTTAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	6376
Qy	1422	AAATATATATCTTTTCAATAGACAAAGTTTAAAAACATACATATACATATATCATG	1481
Db	6375	ATATATATATAAAATTTTATATATACATTTTAAATATATATATATATATATATATTA	6317
Qy	1482	GTATATCCAAAGAAATGTAATTCCTCCCTCCCATATATATTTTGGCTCATCAATTCAC	1541
Db	6316	ATATATTTATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	6257
Qy	1542	TGTAGAACGAATGTAATGATGACAACTTATTCAAACAAGTTATGATTAATTCCTGAA	1601
Db	6256	TATATTTAAATTTTTCATTTTAAACACATTTATATATATATTTTTTTTTTTTATTTT	6197
Qy	1602	CAAGATTTTGCTCATGATTTTCAAGCTTATCTTTCTATTTTGACAAAAATTTGAAGC	1661
Db	6196	TTTAAATTTTAAATTTTAAATTAACACATTTTTTTTTTAAATTTTAAACAAACATTTTA	6137
Qy	1662	AACAATATATTTGACAAAGTTGATTAATAATGGAGTTAAAGATTAATGACTTACTT	1721
Db	6136	TATATACACATTAAT	6077
Qy	1722	GGAGCTAAGGGAGGAGGAAAAACATATATATATTTGTAATTTTAAATTTGGAATAT	1781
Db	6076	TTTCATTTACATATATTTTATTTTATTTTAAATTAATAATCAATTTTAAATATATTA	6017
Qy	1782	ATTGTGGGATGAAAATGATAGAAATATATAGAAATATATTTGGAGAGATGAAGTTAA	1841
Db	6016	CAAAAAAT	5959
Qy	1842	TTTATTAAGTGAATAATATATTTCTCGTTTATAGTATTAAGTGAATGAGTTCTCG	1901
Db	5958	ACACATTAATTAATTAATCAATTTTATTTTATTTTATATATATATATATATATAT	5899
Qy	1902	TTAAGCGAGAAAAGCTATTTTTCATGATGATGATTTTTTTTTTTTACTTAAATACG	1961
Db	5898	ATATATCAATTAATTTTTTTTTTTTATTTTTTTTATTTTTTTTATTTTTTTTAAACAT	5839
Qy	1962	CATAGTATTTGCTATCTCAAGAATTAAGACTTATTTATGATGATAGTGGCTCGAAA	2021
Db	5838	TTTTTCAATTTTAAATTAATAAAACATATAAAAAAATTTTTTTTTCATTA	5779
Qy	2022	GAATGTATGTAATTTTGCTTATATATATATATATATTTCTTATATGATATTTTCAAC	2081
Db	5778	TTTTCATTTTCAATTTTTTATATATCA---AAATTTAAACAATTAATAATTTTCAAA	5723
Qy	2082	CAAAATTAACAAGGCTATCAATTAAGTGGGCTCTAGATTAAGAAGTATGCTATATCA	2141
Db	5722	TTATATATATCAACAT---CATATATCAATTAATTTTCAATTTTAAATTTTTTTTTT	5668
Qy	2142	ATTTCTTAACCTTATTTATTTATAGTGAACCTCGACAAAAACGAACAACGATTTCAAA	2201
Db	5667	ATTTCAAAAAAATTAATATTTTTTTTAAATTTTAAACAATAAAAAAATTAATTAATC	5608
Qy	2202	CTTTTATATTTGGAATTCGACCAACCATATGAAACAACCTCACACATGCAATATGCT	2261
Db	5607	ACATTTAAATATATAAAATCAATTTTCAAAATTTTATTTATTTCA---TTATATATATTT	5549
Qy	2262	AAATATATATATTTTCTAAAAATATCTCAATCTACCAATTTGAAATTTGAAAATG	2321

Db	5548	AAAAATPAAAAAACAACAAACATCATTTAAATATAAAAATCAAAACAAATTAAT	5489
Oy	2322	ACCTTATCCATGGAACACATATACAGAGTTCTTTAAGATTTCACATCTACATTG	2381
Db	5488	ACATTACAAACATTTTAAAAAATTTCAAAACAAATTAATAATTTTAAATTT	5429
Oy	2382	GTATGTTTCTATCGGTTTAAATATCTTCAGGCATTTGACAGCATGAAATGAGC	2441
Db	5428	AAATTTTCAATTAATTTTAAATTAACATCATTAATTTTATCATTTACAAATTTT	5369
Oy	2442	ATGTCATCAGAACACCTGTTCAATTTGGTGCTCTAAAAACAAGATTATCTTCGA	2501
Db	5368	ATTATTAATACAA-----ACAAATTTTATATTAATTAATTAATTAATTAATTA	5317
Oy	2502	GCAATACCTTTTCAGGTCACAGATCTTCAATTCAGTAAAGGTAGCATATGAT	2561
Db	5316	AAACACAAATTTTTCACACAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTTCATCA	5257
Oy	2562	TATTTATCTCTTTGTTAGCAATATATATCTGGTTATGACAAAATTTAGAAAGTA	2621
Db	5256	TTATTTAAATTCATTTTAAAAATTTTAAAAATTTTAAATTAATTAATTAATTTT	5197
Oy	2622	ATCAAAAGATGATPAAACATGAAATTTTCGCAATATTAGCGGATAGAGGAATAT	2681
Db	5196	TCAAAAATPAAAAATTAATTAATATCAAAATTTATTTATTTTAAATTTT	5137
Oy	2682	CAAAATGTTATCTGATGACGACCTTAGCTATGAAATGCTAGTGAAGAGTTGAT	2741
Db	5136	TTATTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTT	5077
Oy	2742	GCTAATCTAATTTTCTTTTGTAGAGTAAGAATTTGAAACACATGATTAATTTAA	2801
Db	5076	ATTATTAATTTTTCAAA-ATPAAAAATTTTAAATTTAAATCAAAATTAATTAAT	5018
Oy	2802	TTATGCTTAATTAATATGTCATGCAATGCAATGTTCAACTAAGAAGCTCAAAAGAAATA	2861
Db	5017	TTATPAAAAATPAAAAAATPAAAAAATPAAAAAATPAAAAATPAAAAATTTT	4958
Oy	2862	AGAAAGAAATTTTATTTTAAATTAATTTAAAGAAAAATPAGAAATTAATTCAA	2921
Db	4957	TTCAAAATTTTATTTTAAATTAATTTATTTATTCATCAATTTCAATCAATCAATTAATTTTA	4898
Oy	2922	GCGAAGAGTTTCAATATCTATGCGGATPAAAGATAATTAATATGTPAGAAACAGC	2981
Db	4897	TTTATTAATTAATTAATTTTAAAAATTTTAAAAACAAAAATATTTTACATTAATTA	4838
Oy	2982	ACTACACATATCTAATTAAGTCAATPAATNGATATPAAAAATATAGTGTAGCAACGT	3041
Db	4837	AAAAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAAAAATCATATATCATTTAATTAATTAATTA	4778
Oy	3042	TATCCATCAAAAATTTTGGGGTATATCATCATGAGGTGTTTCAGAGCTTTGCT	3101
Db	4777	AATCATTTCAAAAAATTAATTTATTTTCAATTTTCAAAAAATTAATTAATTTCAATTTA	4718
Oy	3102	TAAAAAAATGTTTTCTAAAAAATTTGAAGA-----ANGTTATATGATGA	3151
Db	4717	TCAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTTCAAA	4658
Oy	3152	AAATATGAGAAAAATATATCAATATTAATAATTAAGTATCAAGTAAAGGAATA	3211
Db	4657	CAATTTTAATTCATTTTAAATTTTAAAAATTAATTAATTTTAAAAAATTAATA	4598
Oy	3212	ACAATGGAATTAATCTCAATTAATGAATTTAGTGCTTTTCGTTAACATATCTTAGT	3271
Db	4597	AAATTAATTTAAATTTTAAATTTTAAAAATTTAAACATATATTTTAAATTAATTAAT	4538
Oy	3272	TTATTCATTTCTTTATTTTCCCTCTCTAATTTTGTGAATATCAATAGCAGATTTT	3331
Db	4537	AAAAAATPAAAAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	4478
Oy	3332	TGATCTTATGAGCAATCTAGTAAATTTTCAGACTACAAAGATGAAGGCTTTGATTCG	3391
Db	4477	AAAAAATTTTCAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	4418

QY 3392 TTTGATAGTTCAAAAATTAGTGTGGAGAGAGAACTATCAATGCGAATGCA 3451
D 4417 CATTCAAAAATCAAAAAAATTTCAAAAAACAAAATTTTAAACAT--TTTAAATTAATA 4360
QY 3452 AGTATGGCCAGTCTTGSCAAATAATTAATTAATCTGTAATTTTATTAACCTGCTT 3511
D 4359 TTATTTTAAATAAATAATTTCAAAAAAATATCAATAAATAATTTTAAATTAATA 4300
QY 3512 ATAAGTTTAGTCATGTGTGCAATCTTAAACTGTCTTAAGTAATTAATAATTT 3571
D 4299 TTTTCATATTAATAACAAAAAATAATTTTATTTATTTAATTAATTTTATTAATTT 4240
QY 3572 GAAGAGGTGTCAAAATGATCAATTTTATAGATCCGACCAAAATTAATTTATGT 3631
D 4239 ATAAAAAATAATTAATAATTTCAATTAATTCATATTTTAAATCAAAAAAATAATA 4180
QY 3632 AATCTAATTTTCAGACATCTTTGCC---TTGATGATCATTTGTATCCCTTTTCT 3687
D 4179 AAAATTAATAAAAAAATAATTAACAAAAAATAATTAATAATAAACAATAATA 4120
QY 3688 TCATGACCCATGACGAGATGCCAACGTAATTCATTTGATTTGATTAATAA 3747
D 4119 AAAAAAATAATTAATAAAAAATTAACATATCAAAAAAATAAAAAACATTTAAAAACAA 4060
QY 3748 AAAAAACCTAATAATATATTTGAATTTTATGAAGTTATATTAATCTTAACCTTGGG 3807
D 4059 ATAAAAAATAATCAATACAAAAAATTTCAACAAAAAATAAATTTACATATCAATTTCA 4000
QY 3808 CAGACCTATTAACCCCTTGACATTTAATAGTATTTTAAAGATATAAAGTGTAG 3867
D 3999 TTTAAACATTTTCAATTTTATTTTAAATAACAT-----AAATTTTATTTTAAAT 3946
QY 3868 TTGAACAAAAATTAGATATTCAAAACTATTTGAATAATTAATTAATTTGCAATTTT 3927
D 3945 TTTAATAAATTAATTTTATTAATTTTCAATTTTCAAAATTTTAAAAACATTAATACTAA 3886
QY 3928 TTGCATATCAATATGATTTAATAAATAATTAATGAAGTTATGATTTCTAATAAT 3987
D 3885 TTTCAATTTTATTTATCAATACAAATCAATTTTCAAAATTTTCAATTTTCAAA 3826
QY 3988 AAAAAATCAACAAACATATAGACGAGAAAGTATTAACAAATCTCTCAAGTGA 4047
D 3825 AAACAAAAATCAACAAATATTAACAACTAATTAATAATA---CATTTCAAAATA 3770
QY 4048 ATGATTTGTACACACACCTCAAAACCTAGCTTTTCTGATTTATTTCTATTTCTT 4107
D 3769 ATAAAAAATTAATTTAATAAAAAAATAATTTTATTTTATTTAATAATTAAT 3710
QY 4108 TTAATAGTAATCAAGGCTATTAAGTCTGCAAAATCTATACATTTGGAATCTATCTT 4167
D 3709 TAAATCAATTTTAAATAAATAATTTTAAAAAAAATAATTTAAATTAACATATTAACA 3650
QY 4168 GAGCCCTGTACATTCGAGATCGTTGAACAAATGAATGAATTAATTAACCTTGTATTT 4227
D 3649 CATTAACATTAATTTTCAATTAATAATTTTATTAATAATTAATTTTCAATTTAAT 3590
QY 4228 AAAATTTAAACTAATATTTGTTAATTTTCAGGCTTAACCTCTGGAATTCGAAAAAT 4287
D 3589 ATTTCAATTTTAATAATTTTTCACAACAATATTTTAAACATTAATTTTATTAATAAAT 3530
QY 4288 TGAAGTGAATTAATCTAAAGATA-----AAAAAGCAACAAATTCAT 4331
D 3529 TATATTTTCAATTAATTTCAATTAATTAATTTTAAATTTTAAACAAAAAATAATTTT 3470
QY 4332 ATCAAAATTTGAATGATGACTAATGTGTAGCTTCAAAATTTGATGATCAATGCTTCACA 4391
D 3469 TATTAATAATAATTAATAAATAATTAATAATTTTAAACATTTTAAACAAAAATTAATAA 3410
QY 4392 AAGAGCCCAATTAATGATGAGTCAATGATCAAAATCTCAATATTTCAATATCTGAT 4451
D 3409 AAATTCAAATTAATTAATTTTCAATTTTATTTTAAATCAATTTTCAAAATTTTATTTCA 3350

QY 4452 ACTAATTTGAAACAGGTATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTGAAAAA 4511
D 3349 TTTTATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTCAAAAAAATAACAAATTAACAA 3290
QY 4512 AAAGAGATATTTTATTTGATTAATAATTTATTAATTTTAAATTTTATTAATTTTATTAAT 4571
D 3289 AATTTTTCACATCAATTAATTAATAATAATTAATTAATAATTTTAAAAAATAATA 3230
QY 4572 GATGTATTTCAATTTGTTTCGATCTCAAAATGTCAGGCAACAAATTAATCTTGTGT 4631
D 3229 AATTTAAATTTTATTTTCAATTTCAACACAAATTTTATTAATAATAATTTATTAATTTAA 3170
QY 4632 CCAAGTCATGTATTAAGTACTATTTTAAATTAATTAATTAATTTTCAATTTTCTATTT 4691
D 3169 AATTAATTAATAAACAATTTTCAATCATCATTAATTTCAATTTTAAAAAATAATTTATTT 3110
QY 4692 CATTAAGATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 4751
D 3109 TATTAATAATTAACATTAATAATAATTAATTAATTTTCAATTTTCAATTTTAAACATTTAT 3050
QY 4752 TTTTCTCTGTATTTAGTTAATGACTTACGCAAT-----AATTAAGGCGCTTG 4804
D 3049 TTTATTTTATTAATTTATTAATAATTTTAAACATTCATCTTTTAAATTAATTAATTTT 2990
QY 4805 GATGGCAATTAATAAGCCTTTAAAAAAGTACTTTTAAAAAGTGTGAACCTAATTTTAA 4864
D 2989 TCATATATTTTATTTTATTTTAAACATTAATTAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTT 2930
QY 4865 AATTAACAGTATCGTTTGGATTAAGTGTGAAGTGTATGTAACAGTGAAG 4924
D 2929 AATTTTAACATTTTATTTTCAATTTTCAATTTTATTTTATTTTCAACAAATTTTATTTTCA 2870
QY 4925 GAAAAATGAAGAAGAAATGTTAGGTTATAGGTTATTTGTAATAAATAATTAAGCA 4984
D 2869 TAAATATATTTCAATTTTAAATTTTATTAATAAAAAATATCATTTATTAATAACAT 2810
QY 4985 CAAAAATTAATAATGTGTCAACTTAACAACTTAATTAACCTACCTACCCAG 5044
D 2809 TTTAATAACAAATTCATTTAATTTATTAATAAATAACAAATTAATTTTATTTTATTT 2750
QY 5045 CTTTAACTTTGGCTTAAAAATAAGTTTATTTTAACTTAATAATTAAGTGTTTGA 5104
D 2749 TTTTATTAATTAATTTTAAACAAATTTTATTTTAAATAAAAAAATAATTAATTTTAA 2690
QY 5105 GTATGCCAAGACTAAATTAATGCAAAACAGCTTTAAGTACGTTGACAGCTTT 5164
D 2689 AAAATTTAAATAATTAATTTTAAATAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTTATTTT 2630
QY 5165 AAGCTGAGCCAAACAGGCTTTAAATAATGTCGTTAGATGTATTAATTTGAGCTT 5224
D 2629 TTTTAAATTAATTAATTTATTAATTTTATTTTATTTTCAATTTTATTTTAAATAATTT 2570
QY 5225 TTTTGAAGTGT--ATATTAATCTTAAGTCAACATTAATTAATGCTTTAAATGAC 5281
D 2569 TTAATTAATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTATTTTATTTTATTTT 2510
QY 5282 ACATATGTTAATCAAAAGAAATGAATGAATTTTGGAAATTTGATTAATTCACAG 5341
D 2509 TCATTAATTAATTTTATTTTAAACAA-AAAATAATAATAATAATAATAATAATA 2451
QY 5342 AAAAGGATAGTTCAAAGTGTACATTTCAATGAATTTGAATATCATTAAGACTAATAAT 5401
D 2450 AAAAAATTAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 2391
QY 5402 AGAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAATGTTATTAATTTTAAATAATAATAATAATA 5461
D 2390 AATTAATAATTAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 2331
QY 5462 TTCAATTAATAATTAATTAATTTAAGTGTTTAATTAATTAATAATAATAATAATAATA 5521
D 2330 TAAATCAAAAAATTAATAATAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 2271
QY 5522 TGAAGAAATGTGTTTGTATCTAATTAATCTTTCTGAAT-----ATTGCTATATTTT 5576

```

Db      2270 TAATTTATTTTAAATTAATAAATAATTTTATTAATAATTTTATTTTATTTT 2211
Qy      5577 CTCTTTTATTTTTCATGAGATTACTATGTGAAGCTTAGACTGGAATTCAGAAGCTT 5636
Db      2210 ATTTTATTTTTCATTTTATTTTAAATTTTAAATTAATAATTTTATTTTATTTT 2151
Qy      5637 ATGTGCTAATGTACTGTAAATGAAGCA-----AAATTAATCGGTCCGAA 5684
Db      2150 TATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT 2091
Qy      5685 ATGAGATTGAGATCAAGACTTGGCAGTACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCC 5744
Db      2090 ATTAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAAT 2031
Qy      5745 ATTTTATTAATTTTATTTTAAATTTTATTCGAATATCAATATTAAGATTAATTTGATT 5804
Db      2030 TTTATTTTAAATATTTTAAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1971
Qy      5805 CATGTTGAAATTTAATTTTGGATAAGTATTTTACTAGCTTCTATGTTATATAG 5864
Db      1970 TATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT 1911
Qy      5865 AAAAAAATGTGGAAGCTTCAATTAATGTACCTGACTAGTAAGTAAATGTGCTT 5924
Db      1910 AATTTTATTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 1851
Qy      5925 TGTTTAGAAGTTTGGTTTATCAGTTTGGCTCATGATTAACCAACT--TATAATGAA 5983
Db      1850 TTTTATTTTATTTTAAACAAATTTTATTTTATTTTAAATTAATAATAATAATAA 1791
Qy      5984 AGGGCTGCAAGCGCCGCCACATAGTCTGATATCAATAGAAAGATCGACGTGTT 6043
Db      1790 ATTAATTTTATTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1731
Qy      6044 ATTCAGATGAGCTTCTGTGTTGATGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6103
Db      1730 ATTAATAATATATATTTATTAATTAATTTTATTAATTTTAAATAATAATAATA 1671
Qy      6104 AGCATATTAATAATTAATGTGTTAAATATGTAAGGA--GGAATCGACAAGTACGA 6161
Db      1670 TATCATTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT 1611
Qy      6162 CATCAAAATTTCTGAATGGAAGAAATGCAAGCTTAAGTATCCATATTTAGACAAA 6221
Db      1610 AATATTAATAATTAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1551
Qy      6222 CTATGTGATCGAGTGAACCATGTATACACAGTAAATTTTATTAACGAACATTTA 6281
Db      1550 TAAATTTATTTAA--AAATTTTAAACATTTTATTAATTTTATTAATTAATTTA 1494
Qy      6282 TTATATTTTATTTCTTCTTAATTCACCTTACATTAATAAATTGAGATCTTTGACT 6341
Db      1493 TTTATATTAATTAATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1434
Qy      6342 AGTTAGTAATCTTTTGA-----TAGATTTTATAGTAAAGATTTCAATTA 6386
Db      1433 AAAAAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1374
Qy      6387 TTCTTTTATTTTCTTCTTAATTTGATGATCTTTTGGACTATGCTAAATAATCTGTGA 6446
Db      1373 ATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 1314
Qy      6447 AAGTAATAGTAATATCATAGAAAAATGTAGATATATATCTAAATTTTATTAATTA 6506
Db      1313 TATTAATTTATTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1254
Qy      6507 TTAGACGTTATCTAATATTTTGTATGTATGATGGAACATATACATTAACATTTAG 6566
Db      1253 TTTTATTTTATTTCAAAAAATATATTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATTTAA 1194
Qy      6567 TCAAAATTTAATAATCTAAATATTTGATTCAAATCAATGATGACAAACGAATAC 6626

```

```

Db      1193 ATTTAAATTAATTAATTAATAATTAATCAAAAAATATTAATTTTAAATTTCAAAATATCAA 1134
Qy      6627 ATGCAATTTCTCAAAATATATAGATGAAGTCAATTTCAAAAGCAATCAATATGTAGATGA 6686
Db      1133 AAAAAATTAATAAAACAAATATATATATATTTTAAACATTTTAAATAATAATAATAATA 1074
Qy      6687 TATCTTTAAAGAGACATTTGGGTAAATATAGTAAATAATCATTAAGTTATTAATAATAAT 6746
Db      1073 CAAAAATTTTATTTTATTCATTAATTAATTTTCAAAATTTAAATAATAATAATAATAATTT 1014
Qy      6747 CTAACTGATCTCTCAGATTAATTTATATCATCTTTGTTCAGTTTTCAGAGATTCAGATGA 6806
Db      1013 AAAAAATATATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 954
Qy      6807 AAAAAATGTGTATGGAATATCAAGGACAAGTGCAACAAAGTGCCATTAATTTG 6866
Db      953 AATTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 894
Qy      6867 ATTGACAACAACTTCCATGGAAGAAATTAATTAATGAGAAATTAATTTAGTGGGG 6926
Db      893 AATTAATTAACAAATTTTATCATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 834
Qy      6927 AAGTGAATAACCATCAGAGCTAGTGCAAAAAATGTCATTTTAAATGCTGAACAG 6986
Db      833 AATATTTTAAATATCAT-----TATTAATTTATTTTAAATTAATTAATTAATAATA 782
Qy      6987 TTAACACACATGCACTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTTTGTATTAATTT 7046
Db      781 ATTTTATTAATTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 722
Qy      7047 AATTTATCTATAGATCTTCAATATATATAGCAGATATGATATATATCAATAAACAATCTA 7106
Db      721 AATTTAATTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 662
Qy      7107 TATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7166
Db      661 TAAATTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 606
Qy      7167 ATGTATTTCTATTTCTTCTGCAAAAGTTGACGATTTGACTTTTATATGACAAAAATTA 7226
Db      605 TTATTAATTAATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 550
Qy      7227 TAAAAATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 7286
Db      549 ATTAATTTTATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT 490
Qy      7287 CATATTTTAAATCAATTTATCTGCAATGATGTAATTTGTTAATGATTAATATATATC 7346
Db      489 TTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 430
Qy      7347 TTTCATCATGATATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 7406
Db      429 TAAATATATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT 370
Qy      7407 GATTTTATTTTGTGTTTATTTTAAATTT 7434
Db      369 TTTTATTTTATTTTAAATTAATTAATTTT 342

```

RESULT 13

AAV26084

ID AAV26084 standard; cDNA; 51952 BP.

AAV26084;

07-JUN-1999 (first entry)

Tomato pest resistance Mi gene (copy 1).

Pest resistance; nematode resistance; disease resistance; Mi gene;

tomato; transgenic plant; crop protection; biological control; SS.

OS Lycopersicon esculentum.

```

XX Key Location/Qualifiers
FH Promoter 10071..14691
FT /+tag= a
FT /note= "copy 2 promoter; specifically claimed in nucleic
FT acid construct of Claim 9"
FT CDS 16084..19932
FT /+tag= b
FT /note= "M1 gene (copy 2); encodes AAM55975"
FT promoter 42798..44461
FT /+tag= c
FT /note= "copy 1 gene promoter"
FT CDS 45102..48944
FT /+tag= d
FT /note= "M1 gene (copy 1); encodes AAM55974"
XX WO9815171-A1.
XX 16-APR-1998.
XX 09-OCT-1997; 97WO-US018802.
XX 10-OCT-1996; 96US-0028191P.
XX (REGC ) UNIV CALIFORNIA.
XX Williamson VM, Kaloshian I, Yaghoobi J, Bodeau J, Milligan S;
XX WPI; 1998-240529/21.
XX P-PSDB; AAM55974, AAM55975.
XX Nucleic acid encoding M1 polypeptide(s) conferring nematode resistance -
XX useful to produce transgenic plants resistant to these and other pests,
XX and in marker-aided selection to assess cultivars for resistance.
XX Claim 11; Page 24-39; 55pp; English.
XX
XX This is the nucleotide sequence of the tomato M1 locus associated with
XX nematode resistance, obtained from a bacterial artificial chromosome
XX (BAC). M1 was localised by genetic analysis to a region of the tomato
XX genome of about 65 kb. DNA corresponding to this region was cloned into
XX BAC vectors. Sequence analysis of a 52 kb BAC3 insert identified 3 open
XX reading frames, one of which is probably a pseudogene. By RNA blot
XX analysis, transcripts of approximately 4 kb corresponding to copy 1 and
XX copy 2 were found in both resistant and susceptible tomato roots and in
XX leaves of resistant but not susceptible plants. cDNA sequences
XX corresponding to full-length transcripts of copy 1 (see, AAV26082) and
XX copy 2 (see AAV6083) were obtained. The encoded polypeptides (see
XX AAM55974-75) are 91% identical and contain structural features similar to
XX known plant resistance genes (R genes) of the nucleotide binding site/
XX leucine-rich repeat (NBS/LRR) family. A recombinant expression cassette
XX comprising an M1 polynucleotide and an operably linked plant promoter can
XX be used to enhance nematode resistance in plants especially tomatoes
XX (claimed). Transgenic plants can also be constructed using a M1 promoter
XX with heterologous genes; the M1 promoters can be used to express a
XX variety of genes in the same temporal and spatial patterns and at similar
XX levels to resistance genes
XX
XX Sequence 51952 BP; 17728 A; 8444 C; 8647 G; 17111 T; 0 U; 22 Other;
XX
XX Query Match 3.7%; Score 273.4; DB 2; Length 51952;
XX Best Local Similarity 84.0%; Pred. No. 7.7e-26; Indels 21; Gaps 3;
XX Matches 352; Conservative 0; Mismatches 46;

```

```

DB 38797 TTATGCCAAACATGAAAGGAAATAGAGAAAGATGTAGATTATATGGTAAAT 38856
QY 4965 -----TTGATATAAATATTTAAGACAAATAAATGCTCACTTAAACAA 5017
DB 38857 TTGAGATTGTATTAACATATTAAGGAAACATATAAATGTGTCAACTTAAACAG 38916
QY 5018 CTTATAGCT-----ACCTACCCCTACCCAGCTTTTAACCTTTGCTTAAATAA 5068
DB 38917 CTTATAGCTTAAATAAAGAACACCCCTACCCAGCTTTTAACCTTTAATAATA 38976
QY 5069 GTTTTTTTTTTAAACCTTAAATAAGTTGTTAGATTTGCCAAGACTTAAATATG 5128
DB 38977 GTTTTTTTT-----AACTTAAATTAAGCTATTTTGAGCATTTGCCAAACAGTAAATAGT 39031
QY 5129 CAAAAACAGCTTTTAAGTCAGTTGACCCAGCTTTTAAGCTGAGCCAAACAGGCTCTTA 5187
DB 39032 CAAAAACAGCTTTTAAGTCAGTTGACCCAGCTTTTAAGCTGAGCCAAACAGGCTCTTA 39090

RESULT 14
ID AEN84856 standard; DNA; 4459 BP.
XX AEN84856;
XX
XX 15-NOV-2002 (first entry)
XX
XX Tomato 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase LE-ACS7 gene.
XX 1-Aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase; ACC synthase; enzyme;
XX tomato; chromosome 2; plant; transgenic plant; stress tolerance;
XX flooding; crop protection; promoter; LEAGS7Sol3; LE-ACS7; gene; de.
XX Lycopodium esculentum.
XX
XX Key Location/Qualifiers
FH Promoter 1..2463
FT /+tag= a
FT /note= "region specifically described in Claim 1"
FT exon 464..2742
FT /+tag= h
FT LRR 696..783
FT /+tag= b
FT /note= "defines Sol3 element"
FT protein_bind 1190..1200
FT /+tag= d
FT /bound_moiety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region C"
FT protein_bind 1356..1385
FT /+tag= e
FT /bound_moiety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region D"
FT protein_bind 1413..1439
FT /+tag= f
FT /bound_moiety= "Nuclear protein"
FT /note= "Nuclear protein binding region E"
FT LRR complement(1483..1572)
FT /+tag= c
FT /note= "defines Sol3 element"
FT CDS 2464..4066
FT /+tag= g
FT /product= "ACC synthase"
FT /note= "Contains introns"
FT intron 2743..2845
FT /+tag= 1
FT exon 2846..3006
FT /+tag= j
FT intron 3007..3102
FT /+tag= k
FT exon 3103..4066
FT /+tag= 1
XX

```

PN US6414221-B1.
XX 02-JUL-2002.
XX
PF 28-JUL-1999; 99US-00363243.
XX
PR 28-JUL-1999; 99US-00363243.
XX
PA (REGC) UNIV CALIFORNIA.
XX
PI Oetiker JH, Shiu OY, Yang SF, Yip WK;
XX
DR MPI, 2002-641584/69.
XX P-PSDB; ABB79790.
PT Novel recombinant expression cassette for expressing heterologous genes,
PT has 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase 7 promoter operably
XX linked to polynucleotide sequence and induced in response to flooding.
XX
PS Claim 1; Col 21-28; 21p; English.
XX
XX The present sequence, the promoter region of which is claimed, is the 1-
XX aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase (ACC synthase) LE-ACS7 gene
XX on tomato chromosome 2. The gene was isolated by a combination of RT-PCR
XX and subtraction by restriction enzyme digestion. The LE-ACS7 gene is
XX rapidly and transiently induced in waterlogged roots and in wounded
XX leaves. In combination with LE-ACS2, the LE-ACS7 transcript forms a
XX ethylene synthesis by leaves of the flooded plants. Thus, the invention
XX provides a new class of inducible promoters, especially the LE-ACS7 gene
XX promoter, that provide transient expression of a desired protein or mRNA
XX within minutes of stimulus. The promoters can be induced by environmental
XX stresses, such as flooding or wounding, without the application of
XX chemicals. The LE-ACS7 promoter can be recombinantly fused to a
XX heterologous nucleic acid to produce claimed recombinant expression
XX cassettes. Flooding can be used to induce expression of e.g. genes that
XX confer resistance to insect pests or pathogens, or which confer
XX resistance to herbicides, cold, salinity, drought or wounding.
XX Alternatively, the promoter may be used to transcribe an mRNA that is not
XX translated into a protein, e.g. antisense RNA or ribozymes. The LE-ACS7
XX promoter contains an region, designated LEACS7Sol3, that shows homology
XX to known tomato and potato Sol3 elements, and which is flanked by 2 long
XX terminal inverted repeats. It also contains 3 motifs that show homology
XX to polygalacturonase promoter nuclear protein binding DNA sequences (see
XX also ABN4857-59)
SQ Sequence 4459 BP; 1530 A; 708 C; 722 G; 1499 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 3.6%; Score 271.6; DB 6; Length 4459;
Best Local Similarity 59.1%; Pred. No 1.6e-25;
Matches 606; Conservative 0; Mismatches 389; Indels 31; Gaps 7;
QY 5 TTCTTAAAGGCAATTGATTAATTGAAGTCAAAATATTAATTAACAATGGTAA 64
DB 1714 TTGATTAAGCTTATGATTAATTAAGGCGGCACTAATATGTAACAATTAA 1655
QY 65 GCACCTTAAGAAACCATAGTTGAAGGTTACCAATGCCGTATATTAATCACTTGAT 124
DB 1654 ACTAAGAAAGCAATTCACCCGCTTCAATTAAGACATACATTAACAAATAGATAT 1595
QY 125 AATATATAAAAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAATATTTCTCAAAAGTATCGAATG 184
DB 1594 AATTATTTTAAAGCAAGATTAAGAAATGTACAAATATACCTTCATCCACTTTGGC 1535
QY 185 TACAAAACATACATC-CGTCCACCTTATGATCCCAAAATTAATTAATTCACCTTTGA 243
DB 1534 TTCAAAATACCTTTTCATCATCATCTAATTTGGTCCAAAATACCTTTGTCATCCACCTTTGG 1475
QY 244 GTTTAAATTTGACTTATTAATCAATCTTAATTTAACTTTTAACTTTTAA 303
DB 1474 GTTTAAATTTGACTTATTAATCAATCTTATTAATTTAACTTTTAACTTTTAA 1415
QY 304 ATACATGGCGTTCAAAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAACCAAC 363

DB 1414 ATACCTGGTGGCTCAACTATTGTTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCAATC 1355
QY 364 AACTACCAACCTCAATTAATCAATTAATCCCAACCA-----ATTCTACTAT 408
DB 1354 TACTACCAACGCAATTAATTAATTAATCCCTTAAGAAACCCGTCAATTAATTAAGCAA 1295
QY 409 CAAATTTGCTTAAACACTACTAATAACAAGCAAAATTTGTGAGTCCGAATGGAAGCAC 468
DB 1294 GCTACTGCCAATTAAGTGTCTTAATAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1235
QY 469 CAATCTAATTTAGTTGAGCCGCATTTTGAAGGACACTTTCAATAGTATTTTTCAA 528
DB 1234 CTACATTAATAATCAACGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTAC 1175
QY 529 GCATGAATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 588
DB 1174 GTCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1115
QY 589 CTT-----TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 642
DB 1114 TTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1055
QY 643 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 702
DB 1054 GGGATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 995
QY 703 ATAAATTAAGATGA-----CATAGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 758
DB 994 TCACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 935
QY 759 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 817
DB 934 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 875
QY 818 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 877
DB 874 TATTAAGAGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 816
QY 878 GATGAAAGGTTATTTAGACCAATAGGAGATGAGAGATATTTGAAGCAATATG 937
DB 815 GATGCAAGAGGTTATTTAGACCAATAGGAGATGAGAGATATTTGAAGCAATATG 756
QY 938 TGATGATGAGAGATATTTGATCAATTTCTAATTTCTAATTTCTAATTTCTAATTTCT 997
DB 755 TGA---ATGAAGGTTAATTTGACATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTG 699
QY 998 TCCCTT 1003
DB 698 TCCGTT 693
RESULT 15
ABN4856
ID ABN4856 standard; DNA; 4459 BP.
XX
AC ABN4856;
XX
DT 15-NOV-2002 (first entry)
XX
DE Tomato 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase LE-ACS7 gene.
XX
KW 1-Aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase; ACC synthase; enzyme;
XX tomato; chromosome 2; plant; transgenic plant; stress tolerance;
XX flooding; crop protection; promoter; LEACS7Sol3; LE-ACS7; gene; ds.
XX
OS Lycopersicon esculentum.
XX
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT 1..2463
FT promoter
FT /tag= a
FT /note= "region specifically described in Claim 1"
FT exon 464..2742

```

PT LTR /+tag= h
PT 696. .783
PT /+tag= b
PT /note= "defines Sol3 element"
PT protein_bind /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT 1190. .1200
PT /+tag= d
PT /note= "Nuclear protein binding region C"
PT 1356. .1385
PT /+tag= e
PT /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT /note= "Nuclear protein binding region D"
PT 1413. .1439
PT /+tag= f
PT /bound_moiety= "Nuclear protein"
PT /note= "Nuclear protein binding region E"
PT complement (1483. .1572)
PT LTR /+tag= c
PT /note= "defines Sol3 element"
PT 2464. .4066
PT /+tag= g
PT /product= "ACC synthase"
PT /note= "Contains introns"
PT 2743. .2845
PT /+tag= i
PT 2846. .3006
PT /+tag= j
PT 3007. .3102
PT /+tag= k
PT 3103. .4066
PT /+tag= l
PT exon
PT intron
PT 28-JUL-1999; 99US-00363243.
PT 28-JUL-1999; 99US-00363243.
PT (REGC ) UNIV CALIFORNIA.
PT Octiker JH, Shiu OY, Yang SF, Yip WK;
PT WPI; 2002-641584/69.
PT P-PSDB; ABB79790.
PT Novel recombinant expression cassette for expressing heterologous genes,
PT has 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase 7 promoter operably
PT linked to polynucleotide sequence and induced in response to flooding.
PT Claim 1; Col 21-28; 21pp; English.
XX
XX The present sequence, the promoter region of which is claimed, is the 1-
XX aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase (ACC synthase) LE-ACS7 gene
XX on tomato chromosome 2. The gene was isolated by a combination of RT-PCR
XX and subtraction by restriction enzyme digestion. The LE-ACS7 gene is
XX rapidly and transiently induced in waterlogged roots and in wounded
XX leaves. In combination with LE-ACS2, the LE-ACS7 transcript forms a
XX rhythmic pattern that slightly precedes the diurnal fluctuation of
XX ethylene synthesis by leaves of the flooded plants. Thus, the invention
XX provides a new class of inducible promoters, especially the LE-ACS7 gene
XX promoter, that provide transient expression of a desired protein or mRNA
XX within minutes of stimulus. The promoters can be induced by environmental
XX stresses, such as flooding or wounding, without the application of a
XX chemical. The LE-ACS7 promoter can be recombinantly fused to a
XX heterologous nucleic acid to produce claimed recombinant expression
XX cassettes. Flooding can be used to induce expression of e.g. genes that
XX control resistance to insect pests or pathogens, or which confer
XX resistance to herbicides, cold, salinity, drought or wounding.
XX Alternatively, the promoter may be used to transcribe an mRNA that is not
XX translated into a protein, e.g. antisense RNA or ribozymes. The LE-ACS7
XX promoter contains an region, designated LEACS7Sol3, that shows homology

```

CC to known tomato and potato Sol3 elements, and which is flanked by 2 long
 CC terminal inverted repeats. It also contains 3 motifs that show homology
 CC to polygalacturonase promoter nuclear protein binding DNA sequences (see
 CC also ABR64857-59)

XX Sequence 4459 BP; 1530 A; 708 C; 722 G; 1499 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 3.6%; Score 268; DB 6; Length 4459;
 Best Local Similarity 59.9%; Pred. No. 4,4e-25;
 Matches 603; Conservative 0; Mismatches 372; Indels 32; Gaps 8;

```

QY 143 ATTGGAAGGGGCTTAAATATTCGAAAGATTCGAAATGTGACAAAGTACCAATCCGT 202
DB 124 ATGGAAGATGGTCAAAATATACCTTCATTCACCTATGACCAAAATGCTCTTTTCAT 783
QY 203 CCACCTTATGATCCCAAAATTAATATATCAACCTTGAGTTTAAATATGACTCTTA 262
DB 784 CCACCTATGGCTACAAATATACCTTGCTATCAACCTTGAGTTTCAAAATATGACA-TTT 842
QY 263 TATACAAATTCCTAAATTTAACTATTTTAACTTTTAAATATACATGCGCTCAAAATAT 322
DB 843 TTTAATTTGTTAATAATTAATTAACCTTTAATATTTTAAATATCTGGGGTTCAACTAT 902
QY 323 TTAATAT-TAATTAATTTATGAATATCATTTATTAACCAACCACTACCACTCATTAAT 381
DB 903 TAATTAATAATTTAATTTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 962
QY 382 CATTAATATCCCAACCAATTTCTATCAAAATATGCTTAAACATCACTAATAACAGACG 441
DB 963 AACTTAACCTCATCTCAATTAATTAATTTAGTTGACCGCTTAATTTAGGAGGACCTTTCTTT 1022
QY 442 AAATGTGAGTCCGATCGATGAGCAACAATTAATTTAGTTGAGCGCATTTTATGA 501
DB 1023 CAATAATGGAAGGTAAAGAAATATATATATCCCAATTAATTCATGCACTTTTAAATA 1082
QY 502 GGAACCTTTCATATA-----GTATTTTTCGAAGCATGAATTTGAAATTTAAGATTAAATG 555
DB 1083 TAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAACCTTTAATTAATTAATTTTGAAGAAAAG 1142
QY 556 GTA---AAGAAGTAGTACACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATATTAATTAATAA 612
DB 1143 TTACCTATGAGTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1202
QY 613 TATTTATGAT-----GTTTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 665
DB 1203 GACTTTAATGTTATATGCGGATTTTATATGACCACTGAATATATATTAATTTACTTTT 1262
QY 666 TTATCTATTAAGTACATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 719
DB 1263 ATATTTTATTAAGAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1322
QY 720 ---AGTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 776
DB 1323 AGAGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1382
QY 777 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 836
DB 1383 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1442
QY 837 TAAACCGTTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 896
DB 1443 TAAATCGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1502
QY 897 AGCCAATAGGGGATGAGAAAGATTTTGAAGCAATATGTAAGTATGATGAGAGATTAAT 956
DB 1503 ACCCAATAGATGATGAGAAAGATTTTGAAGCAATTA---GGTGTATTAAGAGGTAAT 1559
QY 957 TTGTATCATTTTCAATCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1014
DB 1560 TTGTACATTTTCAATCACTTTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1619
QY 1015 AGACTATAGTGTAGTCAATGATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1074

```

Db 1620 TAAATTGAGCGGGTGAATTGCTCTTTAGTTATATAAGTTGTTACATATTAGTGC 1679
Qy 1075 TTATAAATTTTAAAAAATAATATATTTTCCATTAACTTGAT 1121
Db 1680 CCGCTTTAATTATTCATCATTAAGTTAATCACTGAACCTTAAAT 1726

Search completed: March 1, 2005, 03:24:03
Job time : 3479 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 1, 2005, 01:16:28 ; Search time 20542 Seconds
(without alignments)
13815.947 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 34239544 seqs, 19032134700 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 68479088

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : EST:*
1: gb_est1:*
2: gb_est2:*
3: gb_hc1:*
4: gb_est3:*
5: gb_est4:*
6: gb_est5:*
7: gb_est6:*
8: gb_gsm1:*
9: gb_gsm2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	466	6.2	498	2	BE461088 EST12507
2	465	6.2	489	2	BE436842 EST107960
3	465	6.2	582	4	BM409146 EST183473
4	435.8	5.8	439	2	BE436022 EST107100
5	434	5.8	491	2	BE431870 EST198398
6	432.4	5.8	496	2	BE460656 EST112075
7	425	5.7	457	2	AM222632 EST299443
8	422	5.7	475	2	BE435587 EST106465
9	422	5.7	644	2	AM442052 EST11148
10	406	5.4	556	6	CD003180 EST1296 N
11	396.6	5.3	729	2	AM222257 EST299068
12	394	5.3	427	2	AM222423 EST299234
13	391.8	5.3	535	2	BE434998 EST106076
14	387.2	5.2	600	2	AM442198 EST11594
15	385.2	4.9	370	2	AM222707 EST199518
16	364.4	4.9	366	2	BE461740 EST113159
17	352.4	4.7	728	4	BE413075 EST187402
18	332	4.5	437	2	BF112590 EST140168
19	327	4.4	431	2	AM222783 EST299594
20	325.8	4.4	703	4	BM536089 EST189111
21	324.8	4.4	532	4	BM409999 EST184326
22	324.8	4.4	670	4	BM411547 EST185874
23	322.8	4.3	572	2	AM223468 EST100279
24	308.4	4.1	315	2	AM222975 EST299786

25	303.8	4.1	333	2	AM222973	EST299784
26	303.8	4.1	358	2	AM441805	EST111201
27	303.8	4.1	434	2	AM222163	EST298974
28	303.8	4.1	434	2	AM224240	EST100967
29	303.8	4.1	507	2	AM223872	EST100683
30	303.8	4.1	520	2	AM224332	EST101143
31	303.8	4.1	604	2	BE433321	EST199850
32	302.2	4.1	767	4	BM412528	EST198655
33	301.8	4.0	672	2	AM222222	EST299033
34	293.8	3.9	497	2	AM441746	EST111142
35	282.2	3.8	600	2	AM441498	EST108994
36	281.4	3.8	630	8	BH012910	TDGAP85TH
37	280.8	3.8	617	2	BE460938	EST141257
38	280.8	3.8	619	4	BM413202	EST187529
39	280.8	3.8	742	4	BM413282	EST187609
40	279.4	3.7	289	2	AM224327	EST101054
41	267.6	3.6	615	8	AQ368316	TCOBD00021
42	262.4	3.5	264	2	BE434103	EST1405181
43	250.4	3.4	709	2	AM441939	EST111335
44	247.6	3.3	628	8	BH012784	TDGAP96TH
45	236.8	3.2	550	2	BE461310	EST1412729

ALIGNMENTS

RESULT 1
BE461088
LOCUS
DEFINITION BE461088 498 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
clone CLEG37022, mRNA sequence.
ACCESSION BE461088
VERSION BE461088.1 GI:9505390
KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 498)
REFERENCE
AUTHORS Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E.,
Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ronling,C.M.,
Niernan,W., Frazer,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and
Tanksey,S.D.
TITLE Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
JOURNAL Unpublished (2000)
COMMENT Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.
Location/Qualifiers
1..498
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA96"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CLEG37022"
/feature_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptKSmtadap; Site_1: EcoRI;
Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage of
(first sign of Lycopersicon accumulation on the blossom end
of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
Query Match 6.2%; Score 466; DB 2; Length 498;
Best Local Similarity 98.6%; Pred. No. 6.9e-58;
Matches 491; Conservative 0; Mismatches 5; Indels 2; Gaps 2;

Qy	5135	CGAGCTTTTAAGCAGCTTTGACACAGCTTTTAAAGCTGAGCCAAACAGGCTTTTAAATGTC	5194
Db	1	CGAGCTTTTAAGCAGCTTTGACACAGCTTTTAAAGCTGAGCCAAACAGGCTTTTAAATGTC	60
Qy	5195	TGCTTAGATGTCGTATATATATTTGAGCTTTTGTGAAGTAGTATATATCTTAAGTTC	5254
Db	61	TGCTTAGATGTCGTATATATATTTGAGCTTTTGTGAAGTAGTATATATCTTAAGTTC	120
Qy	5255	AACAT-AAAATCAGGCTTTAACATGCAATATAGTTATCAAAAAGCAGAAATGATGAA	5313
Db	121	AACATAAAATCAGGCTTTAACATGCAATATAGTTATCAAAAAGCAGAAATGATGAA	180
Qy	5314	TAAATTTGGCAATTTGATTTATCACAAGAAAAGGATAGTCAAAAGTCAATTTCAAGT	5373
Db	181	TAAATTTGGCAATTTGATTTATCACAAGAAAAGGATAGTCAAAAGTCAATTTCAAGT	240
Qy	5374	AATTAAGATATCATTAAGACTTAAATTTAGAAATCAATATTTAGGGATCAAAAATGT	5433
Db	241	AATTAAGATATCATTAAGACTTAAATTTAGAAATCAATATTTAGGGATCAAAAATGT	300
Qy	5434	TATTAAGCTTAAATTAATCTATTCATTTGATTTAAATTAATTAATTAAGAGTGT	5493
Db	301	TATTAAGCTTAAATTAATCTATTCATTTGATTTAAATTAATTAATTAAGAGTGT	360
Qy	5494	ATAACTTAATTAACATGCAATATTTATTCGAAATGTGGTTTGGTACTTAATCTT	5553
Db	361	ATAACTTAATTAACATGCAATATTTATTCGAAATGTGGTTTGGTACTTAATCTT	420
Qy	5554	TCTGAATATTTGCTC-TATTTTCTCTTTTATTTTCCATGATTAATTAATTTGAAGCT	5612
Db	421	TCTGAATATTTGCTCTAATTTTCTCTTTTATTTTCCATGATTAATTAATTTGAAGCT	480
Qy	5613	TAGATCTGGAAATTCAG	5630
Db	481	TAGATCTGGAAATTCAG	498

RESULT 2	
BE436842	
LOCUS	
DEFINITION	BE436842 489 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
ACCESSION	EST107960 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
VERSION	clone CLEB34K6, mRNA sequence.
KEYWORDS	BE436842
SOURCE	BE436842.1 GI:9434565 EST.
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)
REFERENCE	Lycopersicon esculentum
AUTHORS	Bukarjota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 489) Alang, F., Hansen, T.S., Craven, M.B., Bowman, C.L., Romling, C.M., Nierman, W., Fraser, C.M., Martin, G.B., Giovannoni, J.J. and Tanksey, S.D. Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage Unpublished (2000) Contact: CUGI Clemson University Genomics Institute Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html 5 prime sequence.
TITLE	
JOURNAL	
COMMENT	
FEATURES	
Source	Location/Qualifiers 1..489 /organism="Lycopersicon esculentum" /mol_type="mRNA" /cultivar="TA96" /db_xref="taxon:4081" /clone="CLEB34K6" /tissue_type="Pericarp" /dev_stage="Breaker"

```

/lab host="SOLR"
/clone lib="tomato breaker fruit_T1Gn"
/note="Vector: p1nuescrptstmc2atp; Site 1: E6OR1;
Site 2: 7b01; Fruit were harvested at the breaker stage
(first sign of lycopene accumulation on the blossom
of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."
ORIGIN

```

Query Match	5.2%	Score 465;	DB 2;	Length 489;
Best Local Similarity	100.0%;	Fred. No. 9.6e-58;		
Matches 465;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;
QY 6785	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGTGAAAATATGGTGTGATGAGAAATATCAAGGGCAAAAGTGC	6844		
Db 23	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGTGAAAATATGGTGTGATGAGAAATATCAAGGGCAAAAGTGC	82		
QY 6845	ACAAAGGTGGCCATATAAATTTGATTGGCGCAAACTTTCATGTGAAGAAATATATATG	6904		
Db 83	ACAAAGGTGGCCATATAAATTTGATTGGCGCAAACTTTCATGTGAAGAAATATATATG	142		
QY 6905	GAGAAATATATAATTTAGTAGGGGAAAAGTGGAAAACCATCAAGAGGTGACGTGCAAAAATGTC	6964		
Db 143	GAGAAATATATAATTTAGTAGGGGAAAAGTGGAAAACCATCAAGAGGTGACGTGCAAAAATGTC	202		
QY 6965	CATTTTAAACANAGCTGAACATGTTCACACACCTGCACCTTCACTAGAAATTTGACAGGAT	7024		
Db 203	CATTTTAAACATGCTGAACATGTTCACACACCTGCACCTTCACTAGAAATTTGACAGGAT	262		
QY 7025	GAAAGCTCTTTTGTAATTAATTATTAATTATTAATCTAGATCTTCAATATATATGACAGATATG	7084		
Db 263	GAAAGCTCTTTTGTAATTAATTATTAATTATTAATCTAGATCTTCAATATATATGACAGATATG	322		
QY 7085	TATATCAACAATAAACAATCTATATCTATGTATTTGAATATTTATTTATTAATATGTAACGA	7144		
Db 323	TATATCAACAATAAACAATCTATATCTATGTATTTGAATATTTATTTATTAATATGTAACGA	382		
QY 7145	TTGAAGTTTATATAGACTATATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAAAAGTTTGACGATGTG	7204		
Db 383	TTGAAGTTTATATAGACTATATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAAAAGTTTGACGATGTG	442		
QY 7205	ACTTTTAAATGTCAAAAATAAATAAATGTTATTTATATGATGT	7249		
Db 443	ACTTTTAAATGTCAAAAATAAATAAATGTTATTTATATGATGT	487		

RESULT 3	582 bp	MRNA	linear	EST 22-JAN-200
LOCUS	BM409146			
DEFINITION	EST553473 tomato breaker fruit <i>Lycopersicon esculentum</i> cDNA clone			
ACCESSION	CJ867472.5			
VERSION	BM409146			
KEYWORDS	BM409146.1	GI:18260776		
SOURCE	EST.			
ORGANISM	<i>Lycopersicon esculentum</i> (tomato)			
REFERENCE	<i>Lycopersicon esculentum</i>			
AUTHORS	Ekharayota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. Alcala,J., Vebalov,J., White,R., Viston,T., Karamycheva,S.A., Tsai,J., Bougill,O., Kirtness,E., Utecherack,T., Van Aken,S., Roming,C.M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Tankley,S.D. and Giovannoni,J.			
TITLE	Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage (2002)			
JOURNAL	Unpublished (2002)			
COMMENT	Contact: CUGI			
	Clemson University Genomics Institute			
	Clemson University			
	100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA			
	Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html			
	This clone is available through the Clemson University Genomics Institute			

FEATURES
source

Seq primer: T3.
Location/Qualifiers
1..582
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLEG47K2"
/tissue_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_1lb="tomato breaker fruit"
/note="Vector: pBluescriptSKmCudapt; Site 1: EcoRI;
Site 2: XhoI; supplier: Boyce Thompson Institute;
sequencing: The Institute for Genomic Research. Fruit
were harvested at the breaker stage (first sign of
lycopene accumulation on the blossom end of fruit). Fruit
were cut in half and the seeds and locules were discarded
prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 6.2%; Score 465; DB 4; Length 582;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 9.5e-58;
Matches 465; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTCAGACGATTCAGTGAATAATGTGGTGTATGAGAAATATCAAGGACAGAGTCA 6844
|||||
Db 465 CAGTTTCAGACGATTCAGTGAATAATGTGGTGTATGAGAAATATCAAGGACAGAGTCA 406
|||||

Qy 6845 ACAAAAGTGCCATMAAATTGATTGACAGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
|||||
Db 405 ACAAAAGTGCCATMAAATTGATTGACAGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 346
|||||

Qy 6905 GAGAAATTAATTATGATGAGGGAAGTGAAGAACATCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 6964
|||||
Db 345 GAGAAATTAATTATGATGAGGGAAGTGAAGAACATCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 286
|||||

Qy 6965 CATTTTAAATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 7024
|||||
Db 285 CATTTTAAATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTTGAGAGAT 226
|||||

Qy 7025 GAAAGCTTTTGTATTAATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7084
|||||
Db 225 GAAAGCTTTTGTATTAATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 166
|||||

Qy 7085 TATATCAATTAACAAATCATATCTATGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7144
|||||
Db 165 TATATCAATTAACAAATCATATCTATGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 106
|||||

Qy 7145 TTGAAGTTTAAATAGACTATATGTAATTTCTATTTCTATGTAAGTTTGAAGATGT 7204
|||||
Db 105 TTGAAGTTTAAATAGACTATATGTAATTTCTATTTCTATGTAAGTTTGAAGATGT 46
|||||

Qy 7205 ACTTTTAAATGTAACAAAATTAATTAATGTTTATTAATGATGT 7249
|||||
Db 45 ACTTTTAAATGTAACAAAATTAATTAATGTTTATTAATGATGT 1
|||||

RESULT 4
BE436022/c 439 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS EST1407100 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
DEFINITION clone cLEG30018, mRNA sequence.
ACCESSION BE436022
VERSION BE436022.1 GI:9433865
KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE 1 (bases 1 to 439)
AUTHORS Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E.,

TITLE
JOURNAL
COMMENT

Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ronning,C.M.,
Nieman,W., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and
Tankley,S.D.
Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
Unpublished (2000)
Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES
source

Location/Qualifiers
1..439
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLEG30018"
/tissue_type="Pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_1lb="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptSKmCudapt; Site 1: EcoRI;
Site 2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage
(first sign of lycopene accumulation on the blossom end of
the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.8%; Score 435.8; DB 2; Length 439;
Best Local Similarity 99.5%; Pred. No. 1.7e-53;
Matches 437; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6811 TGTGCTATGAGAAATTCAGGCGCAATGTCACAAAGTGCCCTAAATTTGATTG 6870
|||||
Db 439 TGTGCTATGAGAAATTCAGGCGCAATGTCACAAAGTGCCCTAAATTTGATTG 380
|||||

Qy 6871 CAGACAAATTTCCATGTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6930
|||||
Db 379 CAGACAAATTTCCATGTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 320
|||||

Qy 6931 TGGAAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAAATGCTGAACATGTTAC 6990
|||||
Db 319 TGGAAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAAATGCTGAACATGTTAC 260
|||||

Qy 6991 ACCACACTGACCTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTCTTTTGTATTAATTAAT 7050
|||||
Db 259 ACCACACTGACCTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAAGCTCTTTTGTATTAATTAAT 200
|||||

Qy 7051 TATACATTAATCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7110
|||||
Db 199 TATACATTAATCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 140
|||||

Qy 7111 TATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7170
|||||
Db 139 TATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 80
|||||

Qy 7171 ATTTCTATTTTCAAGTCAAAAGTTTGACGATTTGATCTTTTAAATGTAACAAAATTAAT 7230
|||||
Db 79 ATTTCTATTTTCAAGTCAAAAGTTTGACGATTTGATCTTTTAAATGTAACAAAATTAAT 20
|||||

Qy 7231 ATGTTATTTATTAATGATGT 7249
|||||
Db 19 ATGTTATTTATTAATGATGT 1
|||||

RESULT 5
BE431870/c 491 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS EST138398 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
DEFINITION clone cLEG4A12, mRNA sequence.
ACCESSION BE431870
VERSION BE431870.1 GI:9429713

KEYWORDS EST.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
REFERENCE Spermatophyta; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Asterids; Lamids; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; 1 (bases 1 to 491)
AUTHORS Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E., Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Romling,C.M., Nierman,W., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and Tanksley,S.D.

TITLE Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
JOURNAL Unpublished (2000)
COMMENT Contact: CUGI
 Clemson University Genomics Institute
 Clemson University
 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
 Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
 5 prime sequence.

FEATURES
 source
 Location/Qualifiers
 1..491
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="TA496"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="CLEG4A12"
 /issue_type="Pericarp"
 /dev_stage="breaker"
 /lab_host="SOLR"
 /clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
 /note="Vector: pBluescriptSKmudapt; Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.8%; Score 434; DB 2; Length 491;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3.1e-53;
 Matches 434; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGATATCAAGGCACAAGTGC 6844
DB 434 CAGTTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGATATCAAGGCACAAGTGC 6844
QY 6845 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCGACGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
DB 374 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCGACGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
QY 6905 GAGATATTAATTTTGTATGAGGGAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAATGTC 6964
DB 314 GAGATATTAATTTTGTATGAGGGAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAATGTC 6964
QY 6965 CATTTTAACATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTGAAATTTTCAAGAGAT 7024
DB 254 CATTTTAACATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTGAAATTTTCAAGAGAT 7024
QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7084
DB 194 GAAGCTCTTTGTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7084
QY 7085 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7144
DB 134 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7144
QY 7145 TTGAAGTTTAAAGACTACTATGATTTTCTAATTTTCTAGCAAAAGTTTGAAGATGT 7204
DB 74 TTGAAGTTTAAAGACTACTATGATTTTCTAATTTTCTAGCAAAAGTTTGAAGATGT 7204
QY 7205 ACTTTTAAATGATC 7218
DB 14 ACTTTTAAATGATC 1

```

RESULT 6
 BE460656/c 496 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 EST12075 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
 clone CLEB3M20, mRNA sequence.
ACCESSION BE460656
VERSION BE460656.1 GI:9504958
KEYWORDS EST.

SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
REFERENCE Spermatophyta; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Asterids; Lamids; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; 1 (bases 1 to 496)
AUTHORS Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E., Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Romling,C.M., Nierman,W., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and Tanksley,S.D.

TITLE Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
JOURNAL Unpublished (2000)
COMMENT Contact: CUGI
 Clemson University Genomics Institute
 Clemson University
 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
 Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
 5 prime sequence.

FEATURES
 source
 Location/Qualifiers
 1..496
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="TA496"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="CLEG3M20"
 /issue_type="Pericarp"
 /dev_stage="breaker"
 /lab_host="SOLR"
 /clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
 /note="Vector: pBluescriptSKmudapt; Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
 Query Match 5.8%; Score 432.4; DB 2; Length 496;
 Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 5.2e-53;
 Matches 433; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGATATCAAGGCACAAGTGC 6844
DB 434 CAGTTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGATATCAAGGCACAAGTGC 6844
QY 6845 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCGACGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
DB 374 ACAAAGTGGCCATTAATTTGATTCGACGCAAACTTCCATGTGAAGAAATTATATG 6904
QY 6905 GAGATATTAATTTTGTATGAGGGAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAATGTC 6964
DB 314 GAGATATTAATTTTGTATGAGGGAAGTGAAGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAATGTC 6964
QY 6965 CATTTTAACATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTGAAATTTTCAAGAGAT 7024
DB 254 CATTTTAACATGCTGAACATGTTTACACCACTGCACTTCACTGAAATTTTCAAGAGAT 7024
QY 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7084
DB 194 GAAGCTCTTTGTATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7084
QY 7085 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7144
DB 134 TATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 7144

```

QY 7145 TTGAAGTTTAAAGACTAGTATGTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 7204
 |||
 DB 74 TTGAAGTTTAAAGACTAGTATGTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTGACGATGT 15
 |||
 QY 7205 ACTTTTAAAGTAC 7218
 |||
 DB 14 ACTTTTAAAGTAC 1
 |||
 RESULT 7
 AW222632 457 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 LOCUS EST299443 tomato fruit red ripe, TAMU Lycopersicon esculentum cDNA
 DEFINITION clone CLEB8H22, mRNA sequence.
 ACCESSION AW222632
 VERSION AW222632.1 GI:6534316
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 Asteridae; Lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 457)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F.,
 Upton,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ahn,S.,
 Ronning,C.M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Tanksley,S.D. and
 Giovannoni,J.
 Generation of ESTs from tomato fruit tissue
 Unpublished (1999)
 CONTACT: CUGI
 CLEMSON UNIVERSITY
 100 JORDAN HALL, CLEMSON, SC 29634, USA
 EMAIL: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
 5 prime sequence.
 Location/Qualifiers
 1..457
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="T496"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="CLEB8H22"
 /issue_type="pericarp"
 /dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
 /clone_lib="tomato fruit red ripe, TAMU"
 /note="Vector: pBluescript SK(-); Site_1: EcoRI; Site_2:
 XhoI; supplier: Giovannoni; Fruit were tagged at the
 breaker stage (first sign of lycopen accumulation on the
 blossom end of the fruit) and harvested 7 days
 post-breaker (fully red-ripe). 10 days post breaker, and
 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which
 showed external or internal signs of pathogenesis were
 discarded. Fruit were cut in half and the seeds and
 locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
 Query Match 5.7%; Score 425; DB 2; Length 457;
 Best Local Similarity 98.7%; Pred. No. 6.2e-52;
 Matches 451; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 6; Gaps 2;
 QY 5913 AATGTGTTGCTTTTGAAGAGTTTGGTTATCCAGTTTGGTCATGATTAACCAAC 5972
 |||
 DB 1 AATGTGTTGCTTTTGAAGAGTTTGGTTATCCAGTTTGGTCATGATTAACCAAC 60
 |||
 QY 5973 TTATTAATGAAAAGGGGCTGCAACGCGCGG-CCCACTAGTCTAGTATCAATGAGAGATC 6031
 |||
 DB 61 TTATTAATGAAAAGGGGCTGCAACGCGCGTCCCACTAGTCTAGTATCAATGAGAGATC 120
 |||
 QY 6032 TCAGAGTCGTTTATTCAGATGAGAGTCTTGCTGGATGTTAAATTAATTAATTAATT 6091
 |||
 DB 121 TCAGAGTCGTTTATTCAGATGAGAGTCTTGCTGGATGTTAAATTAATTAATTAATT 180
 |||
 QY 6092 AACATGTAATTAACCATTAATAAT-----TAATGTGTTTAAATTAATGAGGAGATC 6146
 |||

DB 181 AACATGTAATTAACCATTAATAATTAATAATGAGTTTAATAATGAGGAGATC 240
 |||
 QY 6147 TGGACAAAGCTAGCAACACTCAAAATTTTCAGATGCGAAATCGAAGACTTAAGATCCCAT 6206
 |||
 DB 241 TGGACAAAGCTAGCAACACTCAAAATTTTCAGATGCGAAATCGAAGACTTAAGATCCCAT 300
 |||
 QY 6207 AATTATGACCAAAACTATTTGTGATCGAGTTGAACCATGATACAGAGGTAATTTTGA 6266
 |||
 DB 301 AATTATGACCAAAACTATTTGTGATCGAGTTGAACCATGATACAGAGGTAATTTTGA 360
 |||
 QY 6267 TTAACGAACAATTTATTAATTTTATTTACTCTTTAAATCACTTACATCAATTAACCTTT 6326
 |||
 DB 361 TTAACGAACAATTTATTAATTTTATTTACTCTTTAAATCACTTACATCAATTAACCTTT 420
 |||
 QY 6327 GAGATTTCTTTTCACTAGTATGTAACCTTTTGAATGA 6363
 |||
 DB 421 GAGATTTCTTTTCACTAGTATGTAACCTTTTGAATGA 457
 |||
 RESULT 8
 BE435387 475 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 LOCUS BE435387
 DEFINITION EST2406465 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
 clone CLEB26D15, mRNA sequence.
 ACCESSION BE435387
 VERSION BE435387.1 GI:9433230
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 Asteridae; Lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 475)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E.,
 Liang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ronning,C.M.,
 Nierman,W., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and
 Tanksley,S.D.
 Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
 Unpublished (2000)
 CONTACT: CUGI
 CLEMSON UNIVERSITY
 100 JORDAN HALL, CLEMSON, SC 29634, USA
 EMAIL: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
 5 prime sequence.
 Location/Qualifiers
 1..475
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="T496"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="CLEB26D15"
 /issue_type="pericarp"
 /dev_stage="breaker"
 /lab_host="SOLR"
 /clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
 /note="Vector: pBluescriptSkmUnidapI; Site_1: EcoRI;
 Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage
 (first sign of lycopen accumulation on the blossom end
 of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and
 locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
 Query Match 5.7%; Score 422; DB 2; Length 475;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.7e-51;
 Matches 422; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
 QY 6785 CAGTTTTCACCACTGCAAGTGAAGAAATGCTGTATGAGATTAATCAAGGCAAGAGTCA 6844
 |||
 DB 54 CAGTTTTCACCACTGCAAGTGAAGAAATGCTGTATGAGATTAATCAAGGCAAGAGTCA 113
 |||
 QY 6845 ACAAGGTGCGCCATTAATAATTTGATGTCAGACAAACTTCCATGTCAGAAATTAATG 6904
 |||

RESULT 9	AM442052	644 bp	mRNA	linear	EST 18-MAY-2001
LOCUS	AM442052				
DEFINITION	ESTJ11448 tomato fruit red ripe, TAMU Lycopersicon esculentum cDNA clone cLEN21111 5', mRNA sequence.				
ACCESSION	AM442052				
VERSION	AM442052.1	GI:6977303			
KEYWORDS	EST.				
SOURCE	Lycopersicon esculentum (tomato)				
ORGANISM	Lycopersicon esculentum				

REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL	COMMENT
1 (bases 1 to 644)	Alcala, J., Vrehlov, J., White, R., Metern, A. L., Holt, I. E., Liang, F., Upson, J. M., Hansen, T., Craven, M. B., Bowman, C. L., Ahn, S., Roming, C. M., Fraser, C. M., Martin, G. B., Tanksley, S. D. and Giovannoni, J.	Generation of ESTs from tomato fruit tissue		
	Unpublished (1999)			
	Contact: CUGI			

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1. .644

```

/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="ITA96"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="cLBN2111"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
/clone_lib="tomato fruit red ripe, TAWU"
/note="Vector: pBluescript SK(-); Site1: EcoRI, Site2:
XhoI, supplier: Giovannoni; fruit were tagged at the
breaker stage (first sign of lycopersin accumulation on the
blossom end of the fruit) and harvested 7 days
post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and
20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which
showed external or internal signs of pathogenesis were
discarded. Fruit were cut in half and the seeds and
locules were discarded prior to freezing the pericarp."

```

Query Match	5.7%;	Score 422;	DB 2;	Length 644;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 1.7e-51;		
Matches 422;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

QY	6785	AGTTTTCAGCATTCAGTGAAGAAAAATGGTGTATGAGAAATATCAAGGGGCAAAATGCA	6844
Db	223	CAGTTTTCAGCATTTCAAGTGAAGAAAAATGGTGTATGAGAAATATCAAGGGGCAAAATGCA	282
QY	6845	ACAAAGGTGGCCATPMAAATTTGATTGCAACAACCTTCCATGTGAAGAAATTAATG	6904
Db	283	ACAAAGGTGGCCATPMAAATTTGATTGCAACAACCTTCCATGTGAAGAAATTAATG	342
QY	6905	GAGAAATTAATTAATTAAGTAGGGGAAAAGTGGAAAACCATCAGAGGCTACGTCAAAAATGTC	6964
Db	343	GAGAAATTAATTAATTAAGTAGGGGAAAAGTGGAAAACCATCAGAGGCTACGTCAAAAATGTC	402
QY	6965	CATTTTACAATGCTGAACATGTTCACACCACTGCACCTTCATCAGAAATTTTCAGAGAT	7024
Db	403	CATTTTACAATGCTGAACATGTTCACACCACTGCACCTTCATCAGAAATTTTCAGAGAT	462
QY	7025	GAACTCTTTTGTAATTAATTAATTAATTAATCTATAGATCTTCAATATATATAGCAGATATGA	7084
Db	463	GAACTCTTTTGTAATTAATTAATTAATTAATCTATAGATCTTCAATATATATAGCAGATATGA	522
QY	7085	TATATCACAATPMAAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATGGA	7144
Db	523	TATATCACAATPMAAACAATCTATATCTATGATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATGGA	582
QY	7145	TTGAAGTTTTAATPAGACTATATGTAATTTCTATTTCTATGCTCAAAAGTTTGAAGATTTGT	7204
Db	583	TTGAAGTTTTAATPAGACTATATGTAATTTCTATTTCTATGCTCAAAAGTTTGAAGATTTGT	642
QY	7205	AC 7206	
Db	643	AC 644	

RESULT 10	
CD003180	
LOCUS	CD003180
DEFINITION	CD003180 556 bp mRNA linear EST 02-MAY-2003
LOCUS	EST1296 Normalized cDNA library from ripening tomato pericarp
DEFINITION	Lycopersicon esculentum cDNA clone LepU1296 similar to Acc#
LOCUS	sp P05117 PGLR_LYCES ; Polygalacturonase 2A precursor (PG-2A)
DEFINITION	(Pectinase) [E - value 4.00E-73], mRNA sequence.
ACCESSION	CD003180
VERSION	CD003180.1
KEYWORDS	GI:30319918
SOURCE	EST.
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM	Lycopersicon esculentum

REFERENCE	AUTHORS	JOURNAL	COMMENT
1 (bases 1 to 556)	Srivastava, A., Datsenko, T., Kudla, K., Bhaskaran, A. and Handa, A.K.	Generation of a set of tomato cDNA clones from turning stage of fruits for macroarray analyses	Unpublished (2003)
	Contact: Handa, AK		

Department of Horticulture and Landscape Architecture
Purdue University
625 Agriculture Mall Drive, West Lafayette, IN 47907-2010, USA
Tel: 765 494 1339
Fax: 765 494 0391
Email: handaa@hort.purdue.edu
Place: PR3_0 B01_T3.nr
Seq primer: T3_

```
FEATURES
  source      location/Qualifiers
            1..556
/organism=Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA
/db_xref="taxon:4081"
```

/clone="LepU1296"
 /tissue type="Pericarp"
 /dev stage="Turning stage of fruit ripening."
 /clone_lib="Normalized cDNA library from ripening tomato pericarp"
 /note="Equal amounts of total RNA isolated from two tomato genotypes differing in juice Bostwick value were mixed and used to prepare a normalized cDNA library (Takahashi-N and Ko-MSH, 1994: Toward a whole cDNA catalog: construction of an equalized cDNA library from mouse embryos. Genomics-San-Diego, 23: 1, 202-210). The resultant PCR amplified products were ligated into pBluescript SKII+ vector (Stratagene) and transformed into E. coli DH5alpha"

ORIGIN

Query Match 5.4%; Score 406; DB 6; Length 556;
 Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 3.5e-49;
 Matches 406; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATTCAGAGGCACAAGTGCA 6844
 Db 147 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATTCAGAGGCACAAGTGCA 206
 Qy 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACCTTCATGTGAAGATTATATG 6904
 Db 207 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACCTTCATGTGAAGATTATATG 266
 Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 6964
 Db 267 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 326
 Qy 6965 CATTTCACAATGCTGAACATGTGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT 7024
 Db 327 CATTTCACAATGCTGAACATGTGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT 386
 Qy 7025 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
 Db 387 GAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 446
 Qy 7085 TATATCAATTAACCAATCTATATCTATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7144
 Db 447 TATATCAATTAACCAATCTATATCTATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 506
 Qy 7145 TTGAAGTTTATTAAGACTACTATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAA 7191
 Db 507 TTGAAGTTTATTAAGACTACTATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAA 553

RESULT 11
 AM222257
 LOCUS 729 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 DEFINITION EST299068 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN7018, mRNA sequence.
 ACCESSION AM222257
 VERSION AM222257.1 GI:6533941
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 729)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F., Upton,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ann,S., Roming,C.M., Frazer,C.M., Martin,G.B., Tanksey,S.D. and Giovannoni,J.
 Generation of ESTs from tomato fruit tissue
 Unpublished (1999)
 Contact: CUGI
 Clemson University Genomics Institute
 Clemson University
 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
 Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>

FEATURES
 source
 5 prime sequence.
 Location/Qualifiers
 1..729
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="TA496"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="GLEN7018"
 /tissue type="pericarp"
 /dev stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
 /clone_lib="tomato fruit red ripe, TMU"
 /note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: EcoRI; Site 2: XhoI; supplier: Giovannoni. Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN

Query Match 5.3%; Score 396.6; DB 2; Length 729;
 Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 8e-48;
 Matches 410; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 1; Gaps 1;

Qy 6785 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATTCAGAGGCACAAGTGCC 6843
 Db 315 CAGTTTCAGCAGTTCAGTGAAGAAATGTGTATGAGATTCAGAGGCACAAGTGCC 374
 Qy 6844 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACCTTCATGTGAAGATTATAT 6903
 Db 375 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTCAGACACAACCTTCATGTGAAGATTATAT 434
 Qy 6904 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 6963
 Db 435 GAGAAATTAATTTAGTGGGGAAGTGAACCATTCAGAGCTACGTGCAAAATGTC 494
 Qy 6964 CCAATTTAACAATGCTGAACATGTGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT 7023
 Db 495 CCAATTTAACAATGCTGAACATGTGTACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT 554
 Qy 7024 TGAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7083
 Db 555 TGAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 614
 Qy 7084 ATATATCAATTAACCAATCTATATCTATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7143
 Db 615 ATATATCAATTAACCAATCTATATCTATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 674
 Qy 7144 ATTGAATTTTATTAAGACTACTATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTGC 7198
 Db 675 ATTGAATTTTATTAAGACTACTATGTAATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTGC 729

RESULT 12
 AM222423
 LOCUS 427 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
 DEFINITION EST299234 tomato fruit red ripe, TMU Lycopersicon esculentum cDNA
 clone GLEN8517, mRNA sequence.
 ACCESSION AM222423
 VERSION AM222423.1 GI:6534107
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 427)
 Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., Matern,A.L., Holt,I.E., Liang,F., Upton,J., Hansen,T., Craven,M.B., Bowman,C.L., Ann,S., Roming,C.M., Frazer,C.M., Martin,G.B., Tanksey,S.D. and Giovannoni,J.

TITLE
JOURNAL
COMMENT
Generation of ESTs from tomato fruit tissue
Unpublished (1999)
Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES
source
1..427
Location/Qualifiers
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CLEN8B17"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"
/clone_lib="tomato fruit red ripe, TMRU"
/note="Vector: pBluescript SK(-); Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; supplier: Giovannoni; Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe). 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
Query Match 5.3%; Score 394; DB 2; Length 427;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 2e-47;
Matches 420; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 6; Gaps 2;

QY 5913 AATGTTGCTTCTTTAGAAAGTTGGTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAC 5972
DB 1 AATGTTGCTTCTTTAGAAAGTTGGTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAC 60

QY 5973 TTATAATGAAAAAGGCGTGCACGCGCGG-CCCACTGCTGCTAGTATCAATAGGAAGATC 6031
DB 61 TTATAATGAAAAAGGCGTGCACGCGCGGCCCACTGCTGCTAGTATCAATAGGAAGATC 120

QY 6032 TCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCTTGGTTGAATGTTAATTAATTAATTAAT 6091
DB 121 TCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCTTGGTTGAATGTTAATTAATTAATTAAT 180

QY 6092 AACATGTAATTAAGCATTATTAATTAAT- - - -GTGGTTAATAATGAGGAGGATC 6146
DB 181 AACATGTAATTAAGCATTATTAATTAATTAATGAGGATTAATGAGGAGGATC 240

QY 6147 TGGACAGCTAGCAACATCAAAATTCGATGAGTGGAAATGCAAGAGCTTAAGTATCCAT 6206
DB 241 TGGACAGCTAGCAACATCAAAATTCGATGAGTGGAAATGCAAGAGCTTAAGTATCCAT 300

QY 6207 AATTATAGCAAAACTATTTGATGAGTGAACATGATATCAACAGGTAATTTTAA 6266
DB 301 AATTATAGCAAAACTATTTGATGAGTGAACATGATATCAACAGGTAATTTTAA 360

QY 6267 TTAACGAACAATTTATTAATTTTATTTACTTCTTAATCACTTATCATTAATAAATTT 6326
DB 361 TTAACGAACAATTTATTAATTTTATTTACTTCTTAATCACTTATCATTAATAAATTT 420

QY 6327 GAGATTC 6333
DB 421 GAGATTC 427

RESULT 13
BE434998 535 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS BE434998
DEFINITION EST406076 tomato breaker fruit, TIGR Lycopersicon esculentum cDNA
ACCESSION BE434998
VERSION BE434998.1 GI:9432841

KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
EST.
Lycopersicon esculentum (tomato)
Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 535)

REFERENCE
AUTHORS
Alcala,J., Vrebalov,J., White,R., van der Hoeven,R.S., Holt,I.E.,
Huang,F., Hansen,T.S., Craven,M.B., Bowman,C.L., Konning,C.M.,
Nierman,M., Fraser,C.M., Martin,G.B., Giovannoni,J.J. and
Tankalev,S.D.
Generation of ESTs from tomato fruit tissue, breaker stage
Unpublished (2000)
Contact: CUGI
Clemson University Genomics Institute
Clemson University
100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA
Email: <http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html>
5 prime sequence.

FEATURES
source
1..535
Location/Qualifiers
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="TA496"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="CLEG24N5"
/tissue_type="pericarp"
/dev_stage="breaker"
/lab_host="SOLR"
/clone_lib="tomato breaker fruit, TIGR"
/note="Vector: pBluescriptKmtadapc; Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI; Fruit were harvested at the breaker stage (first sign of lycopene accumulation on the blossom end of the fruit). Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."

ORIGIN
Query Match 5.3%; Score 391.8; DB 2; Length 535;
Best Local Similarity 98.3%; Pred. No. 4.1e-47;
Matches 396; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 0; Gaps 0;

QY 6785 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAAAATGTGTATGAAATATCAAGGCAAGTGCA 6844
DB 403 CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTAAAAATGTGTATGAAATATCAAGGCAAGTGCA 344

QY 6845 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTTCATGGAAGGAATTAATG 6904
DB 343 ACAAGGTGGCCATTAATTTGATTGACGACAACTTTCATGGAAGGAATTAATG 284

QY 6905 GAGAAATATTAATTTAGTGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAAATGTC 6964
DB 283 GAGAAATATTAATTTAGTGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGCTACGCAAAAATGTC 224

QY 6965 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT 7024
DB 223 CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTTCAGAGAT 164

QY 7025 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7084
DB 163 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 104

QY 7085 TATATCACAATTAACAAATCTATATCTATGTAATGAATTAATTAATTAATTAATGA 7144
DB 103 TATATCACAATTAACAAATCTATATCTATGTAATGAATTAATTAATTAATTAATGA 44

QY 7145 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTC 7187
DB 43 TTGAAGTTTAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTC 1

RESULT 14
AM442198 600 bp mRNA linear EST 18-MAY-2001
LOCUS AM442198

[illegible]

Db	Accession	Definition	Accession	Definition
Db	569	TTGAAGTTTAAATAAACTACTATGTAATTC	600	
RESULT 15	AM222707/c	370 bp	linear	EST 18-MAY-2001
LOCUS	EST299518	tomato fruit red ripe, TAMU Lycopersicon esculentum cDNA		
DEFINITION	clone cLEN915, mRNA sequence.			
ACCESSION	AM222707			
VERSION	AM222707.1			
KEYWORDS	EST.			
SOURCE	Lycopersicon esculentum (tomato)			
ORGANISM	Lycopersicon esculentum			
REFERENCE	Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; limids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 370)			
AUTHORS	Alcala, J., Vreblow, J., White, R., Matern, A.L., Holt, I.E., Liang, F., Upcon, J., Hansen, T., Craven, M.B., Bowman, C.L., Ahn, S., Romling, C.M., Fraser, C.M., Martin, G.B., Tanksey, S.D. and Giovannoni, J.			
TITLE	Generation of ESTs from tomato fruit tissue			
JOURNAL	Unpublished (1999)			
COMMENT	Contact: CUGI Clemson University Genomics Institute Clemson University 100 Jordan Hall, Clemson, SC 29634, USA Email: http://www.genome.clemson.edu/orders/index.html 5 prime sequence.			
FEATURES	Location/Qualifiers			
Source	1..370			
	/organism="Lycopersicon esculentum"			
	/mol_type="mRNA"			
	/culivar="TA496"			
	/db_xref="taxon:4081"			
	/clone="cLEN915"			
	/tissue_type="pericarp"			
	/dev_stage="red ripe (7-20 days post-breaker)"			
	/clone_id="tomato fruit red ripe, TAMU"			
	/note="Vector: pBluescript SK(-); Site 1: EcoRI; Site 2: XhoI; supplier: Giovannoni; Fruit were tagged at the breaker stage (first sign of lycopen accumulation on the blossom end of the fruit) and harvested 7 days post-breaker (fully red-ripe), 10 days post breaker, and 20 days post-breaker (over-ripe). 20 day fruit which showed external or internal signs of pathogenesis were discarded. Fruit were cut in half and the seeds and locules were discarded prior to freezing the pericarp."			
ORIGIN				
Query Match	4.9%; Score 365.2; DB 2; Length 370;			
Best Local Similarity	99.2%; Pred. No. 3, 1e-43;			
Matches 367; Conservative 0; Mismatches 3; Indels 0; Gaps 0;				
Db	6880	CTTTCATGTGAAGAAATTATATGAGAAATATTAATTTAGTAGGAGAAAGTGAAAAAC	6939	
Qy	370	CTTTCATGTGAAGAAATTATATGAGAAATATTAATTTAGTAGGAGAAAGTGAAAAAC	311	
Db	6940	ATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTG	6999	
Qy	310	ATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTCATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACTG	251	
Db	7000	CACCTCACTGAATTTTACAGAGATGGAAGCTCTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA	7059	
Qy	250	CACCTCACTGAATTTTACAGAGATGGAAGCTCTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA	191	
Db	7060	GATCTTCATATATATAGCAGATATGATATATATACATATAACAAATCTATCTATGATATG	7119	
Qy	190	GATCTTCATATATATAGCAGATATGATATATATCCCAATTAACAAATCTATCTATGATATG	131	
Db	7120	AATATATATATATATATATGAGATTTGAAGTTTAAAGACACATATGATTTCTATTT	7179	

```
Db      130 AATTAATTATTATAATATGACGATTGAAGTTTAAATAGACTAGTATTCTAAT 71
Qy      7180 TTCTAGTCAAAAGTTTGACGATTGACTTTTAAATGTACAAAATATTAATGCTAAT 7239
Db      70 TTCTAGTCAAAAGTTTGACGATTGACTTTTAAATGTACAAAATATTAATGCTAAT 11
Qy      7240 TATATGATGT 7249
Db      10 TATATGATGT 1
```

Search completed: March 1, 2005, 17:32:41
Job time : 20548 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using bw model

Run on: February 28, 2005, 19:55:28 ; Search time 30355 Seconds
(without alignments)
11901.897 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1
Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtgaaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4708233 seqs, 24227607955 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 9416466

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:.*
1: gb ba:.*
2: gb hcg:.*
3: gb_in:.*
4: gb_cm:.*
5: gb_ov:.*
6: gb_pat:.*
7: gb_ph:.*
8: gb_pl:.*
9: gb_pr:.*
10: gb_ro:.*
11: gb_str:.*
12: gb_sy:.*
13: gb_un:.*
14: gb_vl:.*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	7456	100.0	7456	8	LEPOLYGA X14074 Tomato gene
2	7456	100.0	7456	8	TOMPGAAA M37304 Tomato poly
3	2167	29.1	7471	8	PCCCHRAF L47242 Capsicum an
4	2024	27.1	2207	8	LEPG5 X07410 Lycopersico
5	2020.8	27.1	2207	6	109042 Sequence 5
6	462	6.2	1636	6	A24194 L.esculentu
7	462	6.2	1636	6	AR364905 Sequence
8	461	6.2	1617	8	LEPGR X05656 Tomato mRNA
9	461	6.2	1621	6	A15981 L.esculentu
10	461	6.2	1621	6	AX062336 Sequence
11	461	6.2	1621	6	LEPG2AR X04583 Tomato mRNA
12	459.4	6.2	1624	6	101809 Sequence 1
13	348.8	4.7	414	8	TOMPGA M30269 L.esculentu
14	331.8	4.5	8056	6	AX599046 Sequence
15	328.8	4.4	8056	6	AX599046 Sequence
16	280.6	3.9	121637	8	ACT122544 Genomic B
17	284.2	3.8	1663	8	STU91987 Solanum tub
18	273.4	3.7	51952	6	AR110591 Sequence
19	273.4	3.7	51953	8	LEU81378 Lycopersico

20	272	3.6	4601	3	DMU11584	U11584 Drosophila
21	272	3.6	19517	3	DMU37541	U37541 Drosophila
21	271.6	3.6	4459	8	AF043122	AF043122 Lycopersi
23	270.4	3.6	5497	8	LESG380	AJ006380 Lycopersi
24	269.6	3.6	121637	8	ACT122544	ACT122544 Genomic B
25	268	3.6	4459	8	AF043122	AF043122 Lycopersi
26	256.4	3.4	19517	3	DMU37541	U37541 Drosophila
27	253	3.4	4601	3	DMU11584	U11584 Drosophila
28	252	3.4	252	8	S7380751	S7380751 Lycopersi
29	243.6	3.3	35250	8	AY007366	AY007366 Lycopersi
30	241	3.2	5197	8	LESG379	AJ006379 Lycopersi
31	240.2	3.2	169546	2	AC004157	AC004157 Plasmodu
32	237.6	3.2	15421	3	PFCOMP1RA	X95275 P.falciparu
33	237.6	3.2	104992	2	AC005504	AC005504 Plasmodu
34	237.6	3.2	250421	3	AE014849	AE014849 Plasmodu
35	233.8	3.1	76568	3	MBREV	AF538053 Monosiga
36	232	3.1	76568	3	MBREV	AF538053 Monosiga
37	229.8	3.1	86826	3	PFMAL3P5	AL034556 Plasmodu
38	228.4	3.1	7456	8	LEPOLYGA	X14074 Tomato gene
39	228.4	3.1	7456	8	TOMPGAAA	M37304 Tomato poly
40	226.6	3.0	349751	3	PFMALAP3	AL034576 Plasmodu
41	222	2.9	14001	3	PFCOMP1RB	S73808 polygalactu
42	218.2	2.9	14001	3	PFCOMP1RB	X95276 P.falciparu
43	216.6	2.9	14867	3	AE001398	AE001398 Plasmodu
44	216.6	2.9	349980	6	AX344555	AX344555 Sequence
45	215.6	2.9	2207	6	109042	109042 Sequence 5

ALIGNMENTS

RESULT 1
LOCUS LEPOLYGA 7456 bp DNA linear PLN 09-MAY-1995
DEFINITION tomato gene for cell wall degrading polygalacturonase.
X14074
ACCESSION X14074.1 GI:19305
VERSION X14074.1
KEYWORDS polygalacturonase.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
REFERENCE Hughes,S., Morris,P.C., Grierson,D. and Schuch,W.
1 (bases 1 to 7456)
AUTHORS Bird,C.R., Smith,C.J., Ray,J.A., Moureau P., Bevan,M.W., Bird,A.S.,
TITLE The tomato polygalacturonase gene and ripening-specific expression
in transgenic plants
JOURNAL Plant Mol. Biol. 11, 651-662 (1988)
FEATURES
source
1..7456
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="genomic DNA"
/cultiivar="Alisa Craig"
/db_xref="taxon:4081"
/clone_lbb="lambda EMBL3"
877..904
/note="direct repeat 1"
908..935
/note="direct repeat 1"
1326..1335
/note="direct repeat 1"
1342..1347
CAAT_signal
1400..1403
1411..7244
/note="primary transcript"
1411..1757
/number=1
1431..1435
join(1479..1757,2416..2547,3327..3491,3696..3716,
4260..4467,4567..4648,5602..5710,6139..6255,6788..7048)
/codon_start=1
/product="polygalacturonase"
/protein_id="CAA32235.1"

```
/db_xref="GI:295813"
/db_xref="GOA:P05117"
/translation="WIDQNSILLIILIFASISYCRGNVIDMLFKQVNDLIEOEF
AHDFOYLSYSKNIENNNIDKVDKNGIKVINVLSFKAGDKGYDIAEQAMNEA
CSSRPVQVPEKKNRYLLKQITFSGPCRSISVKIFSLSESSKISYKORLMTAF
DSVQMLVVGCGGTINGNGQVWMPSSCKINKSLPCBDATPLJFMNCKRLKYNLKSRY
AQOIHIFKESCTGNVNASNLMITNASAKSPNTDGVHVSNTQYQISDTIIGTDDCISY
SGSONVQNLNTGCPGHGISTGSGSSEAVSVNTYNAKIIGAENGVIKTVGGG
SGAASNIKEFLENMODVYKPIIIDNTCDRVEPCIQPSAVQKXNVENIKGTSATK
VAIKDCSTNPFCEGIIMENINLVGESKPEATCKVNFNNABHVTPEHCTLSISBD
EALILNYN"
intron
1758..2415
/number=1
exon
2416..2547
/number=2
intron
2548..3326
/number=2
exon
3327..3491
/number=3
intron
3492..3695
/number=3
exon
3696..3716
/number=4
intron
3717..4259
/number=4
exon
4260..4467
/number=5
intron
4468..4566
/number=5
exon
4567..4648
/number=6
intron
4649..5601
/number=6
exon
5602..5710
/number=7
intron
5711..6138
/number=7
exon
6139..6255
/number=8
intron
6256..6787
/number=8
exon
6788..7244
/number=9
polysite
7244
ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 7456; DB 8; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7456; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
```

```
Db
301 AAAATACATGCGCTCAAAATATTAAATATATATTAATTAATGATATATCAATTAATAACCA 360
Qy
361 ACCAATACCAACTCATTAATCATTAATATCCGACCCCAATTCATCATTAATATGCTCT 420
Db
361 ACCAATACCAACTCATTAATCATTAATATCCGACCCCAATTCATCATTAATATGCTCT 420
Qy
421 AAACACTACTAAACAAGAGAAATGTCGATCCGAATCGAAGCACCATCTAATTTA 480
Db
421 AAACACTACTAAACAAGAGAAATGTCGATCCGAATCGAAGCACCATCTAATTTA 480
Qy
481 GGTGAGCGGCATATTAGAGAGACCTTGCATAGATATTTTTCAGCATGAATTGA 540
Db
481 GGTGAGCGGCATATTAGAGAGACCTTGCATAGATATTTTTCAGCATGAATTGA 540
Qy
541 AATTTAAGATTATGTTAAGAAAGTAGTACACCCGAAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
Db
541 AATTTAAGATTATGTTAAGAAAGTAGTACACCCGAAATTAATTCAGCTTTTAAATA 600
Qy
601 TAATTAATTAATATTTATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
Db
601 TAATTAATTAATATTTATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
Qy
661 AAAAATATCTATTAAGTACATCATTAATGAGAGAGAAATTAATTAAGTAACTA 720
Db
661 AAAAATATCTATTAAGTACATCATTAATGAGAGAGAAATTAATTAAGTAACTA 720
Qy
721 GTGTTAATTAAGTAAATGAGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Db
721 GTGTTAATTAAGTAAATGAGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Qy
781 TTATTAACAAATTTTGAAGCGCATGATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Db
781 TTATTAACAAATTTTGAAGCGCATGATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Qy
841 ACCGTTAAGTAAATGTCATTTTGAACCAAAAGTGAAGAGGATTTTGAAGCC 900
Db
841 ACCGTTAAGTAAATGTCATTTTGAACCAAAAGTGAAGAGGATTTTGAAGCC 900
Qy
901 AATAGGGGATGAGAGAGATTTTGAAGCAATGATGATGATGAGATTAATTTTGT 960
Db
901 AATAGGGGATGAGAGAGATTTTGAAGCAATGATGATGATGAGATTAATTTTGT 960
Qy
961 ATCATTTCTAATACCTTAAAGATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTA 1020
Db
961 ATCATTTCTAATACCTTAAAGATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTA 1020
Qy
1021 TAGTGTAGTTCATGCAATATCATTTATTTTCCGCTTAATTAATTTTATTA 1080
Db
1021 TAGTGTAGTTCATGCAATATCATTTATTTTCCGCTTAATTAATTTTATTA 1080
Qy
1081 AATTTTAAATTAATTAATTTTTCATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGT 1140
Db
1081 AATTTTAAATTAATTAATTTTTCATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGT 1140
Qy
1141 TTACCAACATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1200
Db
1141 TTACCAACATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1200
Qy
1201 TTATTTAAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGT 1260
Db
1201 TTATTTAAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGT 1260
Qy
1261 GGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1320
Db
1261 GGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1320
Qy
1321 CAAACTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1380
Db
1321 CAAACTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1380
Qy
1381 TATTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1440
Db
1381 TATTAATTAATTAATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAGTATTTTGAAG 1440
```

1441 TAGACAAGTTTAAAAACCATACATATACATATATCATGCTTATCGCAAGAAATAGTA 1500
1441 TAGACAAGTTTAAAAACCATACATATACATATATCATGCTTATCGCAAGAAATAGTA 1500
1501 TTCTCCTCTCATATATATTTTGGCTTCATCAATTTCAACTTGTAGAAGCAATGTATG 1560
1501 TTCTCCTCTCATATATATTTTGGCTTCATCAATTTCAACTTGTAGAAGCAATGTATG 1560
1561 ATGACATTTTATTAACCAAGTTATGATATATCTTGAACAAAGATTTGCTCATGAT 1620
1561 ATGACATTTTATTAACCAAGTTATGATATATCTTGAACAAAGATTTGCTCATGAT 1620
1621 TTCAAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAAATATTTGAAGCAACATATATTGCAAGG 1680
1621 TTCAAGCTTATCTTCTTATTTGAGCAAAAATATTTGAAGCAACATATATTGCAAGG 1680
1681 TTGATAAAAATGGGATTTAAAGTATTAATGTAAGCTTTGAGCTTAAGGGTATGGA 1740
1681 TTGATAAAAATGGGATTTAAAGTATTAATGTAAGCTTTGAGCTTAAGGGTATGGA 1740
1741 AAACATATGATATATTTGTAGATTTTAAATATTTGGAATATTTTGGGGATGAAATG 1800
1741 AAACATATGATATATTTGTAGATTTTAAATATTTGGAATATTTTGGGGATGAAATG 1800
1801 ATAGAGAAATTAAGAAATTAATTTGAGAGTAAAGTTATTTTATTAAGTAAAGAAAT 1860
1801 ATAGAGAAATTAAGAAATTAATTTGAGAGTAAAGTTATTTTATTAAGTAAAGAAAT 1860
1861 ATTTTCTCGTTTATGATATTAAGGTAAATGAGTTTCTCGTTAAGCGAAGAAAGCTAT 1920
1861 ATTTTCTCGTTTATGATATTAAGGTAAATGAGTTTCTCGTTAAGCGAAGAAAGCTAT 1920
1921 TTTTCAGTGTACGTATTTTTTTTTTAACTTTTAAACGTCAATGATTTTGTCTATCTC 1980
1921 TTTTCAGTGTACGTATTTTTTTTTTAACTTTTAAACGTCAATGATTTTGTCTATCTC 1980
1981 AAGAATAGACACTATTTATGATGATTTAGTGTGCGAAAAGAAATGATGTAATTTTG 2040
1981 AAGAATAGACACTATTTATGATGATTTAGTGTGCGAAAAGAAATGATGTAATTTTG 2040
1981 AAGAATAGACACTATTTATGATGATTTAGTGTGCGAAAAGAAATGATGTAATTTTG 2040
2041 CTTAATATTAATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCTAT 2100
2041 CTTAATATTAATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCTAT 2100
2101 CCAATAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTTCTATTCATTTCTTAACCTTATTTAAT 2160
2101 CCAATAGTGGGCTCTAGAAATTAAGATTAAGTTCTATTCATTTCTTAACCTTATTTAAT 2160
2161 TTTAGTGGAAACCTCGAACAAGAAAGAAAGAAAGCTTATTAATTCGGAATTCG 2220
2161 TTTAGTGGAAACCTCGAACAAGAAAGAAAGAAAGCTTATTAATTCGGAATTCG 2220
2221 AGACCAACCATATGACAACTCAGACATGATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA 2280
2221 AGACCAACCATATGACAACTCAGACATGATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA 2280
2281 AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGACA 2340
2281 AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGACA 2340
2341 CATATAACAAGATTTCTTTTAAAGAAATTTACATACATTTGGATGTTTCTTATCGGTT 2400
2341 CATATAACAAGATTTCTTTTAAAGAAATTTACATACATTTGGATGTTTCTTATCGGTT 2400
2401 AAAATATCTTTCAGGATTTGACCAAGCATGAAATGAGATCTTCACTAGAACCT 2460
2401 AAAATATCTTTCAGGATTTGACCAAGCATGAAATGAGATCTTCACTAGAACCT 2460
2461 GTTCAATTTGTGTTCTTAAAAAACAAGATTTCTTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGT 2520
2461 GTTCAATTTGTGTTCTTAAAAAACAAGATTTCTTCAAGCAAAATCACCTTTTCAGGT 2520

2521 CCATGAGATCTTCTATTTCAAGTAAAGTTAGCATATATGATATTTATCTCTTGT 2580
2521 CCATGAGATCTTCTATTTCAAGTAAAGTTAGCATATATGATATTTATCTCTTGT 2580
2581 AGCAATATATATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATTAACAAAGATGATTAACA 2640
2581 AGCAATATATATCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATTAACAAAGATGATTAACA 2640
2641 TGAATTTGCTCATATTTTAAAGGAAATGAGGAATTTCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
2641 TGAATTTGCTCATATTTTAAAGGAAATGAGGAATTTCAAAATGTTATGTTAGCTA 2700
2701 TGAGCACTTACGATATGAAATTTAGCTAGTGAAGAAATTTGATGCTAATTTTATTTT 2760
2701 TGAGCACTTACGATATGAAATTTAGCTAGTGAAGAAATTTGATGCTAATTTTATTTT 2760
2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTTAATTTATTTATTTATTTATTTATATG 2820
2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTTAATTTATTTATTTATTTATTTATATG 2820
2821 TCAATGATAGTCAAACTAAGAACTGCAAAAGAAATTAAGAAATTTATTTT 2880
2821 TCAATGATAGTCAAACTAAGAACTGCAAAAGAAATTAAGAAATTTATTTT 2880
2881 TAAATTAATTTAAAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2940
2881 TAAATTAATTTAAAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2940
2941 TCTATGGGATTAAGAAATTTATATATGTAAGAAACAGACCTACATATCTTAATTA 3000
2941 TCTATGGGATTAAGAAATTTATATATGTAAGAAACAGACCTACATATCTTAATTA 3000
3001 GTCTCAATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3060
3001 GTCTCAATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3060
3061 GTGGGGATGATCGATCCAGAGTGTGTTCCAGACTCTTGCTTAAATTAATTAATTA 3120
3061 GTGGGGATGATCGATCCAGAGTGTGTTCCAGACTCTTGCTTAAATTAATTAATTA 3120
3121 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATATGATGAAATTAATTAATTAATTAATTA 3180
3121 AAATTAATTAAGTAAAGAAATGTTATATGATGAAATTAATTAATTAATTAATTA 3180
3181 AAATTAATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA 3240
3181 AAATTAATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA 3240
3241 TTTAGTGGCTTTCTGTTAATCAATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTCT 3300
3241 TTTAGTGGCTTTCTGTTAATCAATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTCT 3300
3301 TATTTTATTTGAATTAATTAATGAGATTTTGGATCTTAAAGAAATTTT 3360
3301 TATTTTATTTGAATTAATTAATGAGATTTTGGATCTTAAAGAAATTTT 3360
3361 CAGACTTCAAAAGATGAAAGCTTTGATGTTGATGTTGATGTTGATGTTGATGTTG 3420
3361 CAGACTTCAAAAGATGAAAGCTTTGATGTTGATGTTGATGTTGATGTTGATGTTG 3420
3421 GAGAGAGGAACTATCAATGAGCAATGAGCAAGATGAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA 3480
3421 GAGAGAGGAACTATCAATGAGCAATGAGCAAGATGAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA 3480
3481 ATAAATCACTGTGTAATTTTAACTTTGCTTATTAAGTTTATACGTATGTTGCTGAAATTC 3540
3481 ATAAATCACTGTGTAATTTTAACTTTGCTTATTAAGTTTATACGTATGTTGCTGAAATTC 3540
3541 TTTTAACTTTCTTAAAGATTTATATTTTGAAGGAGTGTCAAAATCAATCAATTCATTT 3600
3541 TTTTAACTTTCTTAAAGATTTATATTTTGAAGGAGTGTCAAAATCAATCAATTCATTT 3600
3601 TTAGAGATTCGACCAATATTTAGTTTATGTAATCTAATTTTGAAGCATCTTTGCTTG 3660

```
Db      ||||| 3601 TTAGAAATCCGACCAATATAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGAGCATCTTGGCTTG 3660
Qy      ||||| 3661 TACTGATCATTTGTACCTTTTCTTCATGAGCAGCAGGATGACACAAAGGATC 3720
Db      ||||| 3661 TACTGATCATTTGTACCTTTTCTTCATGAGCAGCAGGATGACACAAAGGATC 3720
Qy      ||||| 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGTATAAAAAAGCCCTAAATATATTTGTAATTTAATGA 3780
Db      ||||| 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGTATAAAAAAGCCCTAAATATATTTGTAATTTAATGA 3780
Qy      ||||| 3781 AAGGTATATATTAATCTTAACTTTGGGCGAGACTATTAACCCCTTGACATATTAATAGT 3840
Db      ||||| 3781 AAGGTATATATATCTTAACTTTGGGCGAGACTATTAACCCCTTGACATATTAATAGT 3840
Qy      ||||| 3841 GTATTTTAAAGATATTAAGGTGTTAGTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAATCTTT 3900
Db      ||||| 3841 GTATTTTAAAGATATTAAGGTGTTAGTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAATCTTT 3900
Qy      ||||| 3901 TGAATAATTCATTAATTCGCAATTTTTTTCATATCAATATGATTTAAAAAATATAGTTA 3960
Db      ||||| 3901 TGAATAATTCATTAATTCGCAATTTTTTTCATATCAATATGATTTAAAAAATATAGTTA 3960
Qy      ||||| 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTTAAATATAAATCAATGACAAACAATAGTAGACGAGAAA 4020
Db      ||||| 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTTAAATATAAATCAATGACAAACAATAGTAGACGAGAAA 4020
Qy      ||||| 4021 GTATATTAACAATACCTCTTCAAGATGAAATGCAATGTTGACACACACTCAAAACCTACGTT 4080
Db      ||||| 4021 GTATATTAACAATACCTCTTCAAGATGAAATGCAATGTTGACACACACTCAAAACCTACGTT 4080
Qy      ||||| 4081 TTTCTCGATTAATATTTCTCTATTTCTTTTAAATAGTAATCAAAAGGCTATTAAGTCTGCAA 4140
Db      ||||| 4081 TTTCTCGATTAATATTTCTCTATTTCTTTTAAATAGTAATCAAAAGGCTATTAAGTCTGCAA 4140
Qy      ||||| 4141 AATCTATACATTTGGAACCTCTATCTTGAAGCCTCGATCAATGAGATGCTGAACAATG 4200
Db      ||||| 4141 AATCTATACATTTGGAACCTCTATCTTGAAGCCTCGATCAATGAGATGCTGAACAATG 4200
Qy      ||||| 4201 GATGAATGATTAATTAATCTTTGTAATTTAAATTAATTAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
Db      ||||| 4201 GATGAATGATTAATTAATCTTTGTAATTTAAATTAATTAATTAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
Qy      ||||| 4261 CCTTAACCTTCTGGAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATCTTAAGAGTAAATAATGCA 4320
Db      ||||| 4261 CCTTAACCTTCTGGAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATCTTAAGAGTAAATAATGCA 4320
Qy      ||||| 4321 AACCAATTCATCAAAATTTGAGTCATGACATAATGTTGAGCTTCGAAATTTGATGATCA 4380
Db      ||||| 4321 AACCAATTCATCAAAATTTGAGTCATGACATAATGTTGAGCTTCGAAATTTGATGATCA 4380
Qy      ||||| 4381 ATGCTTCAGCAAGAGCCCAATTCGATGAGAGTCCATGATATCAAAATCTCAATATATTC 4440
Db      ||||| 4381 ATGCTTCAGCAAGAGCCCAATTCGATGAGAGTCCATGATATCAAAATCTCAATATATTC 4440
Qy      ||||| 4441 AAAATATCTGATCTATTAATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA 4500
Db      ||||| 4441 AAAATATCTGATCTATTAATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTAATTTAATTTAATTTA 4500
Qy      ||||| 4501 AATATCTGATCTATTAATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTT 4560
Db      ||||| 4501 AATATCTGATCTATTAATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTT 4560
Qy      ||||| 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATGTTTCTGAGATCTCAAAATGTCAGGCGCAAAATA 4620
Db      ||||| 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATGTTTCTGAGATCTCAAAATGTCAGGCGCAAAATA 4620
Qy      ||||| 4621 TTAATTTGATGATGATTTGATTTTCAATGTTTCTGAGATCTCAAAATGTCAGGCGCAAAATA 4680
Db      ||||| 4621 TTAATTTGATGATGATTTGATTTTCAATGTTTCTGAGATCTCAAAATGTCAGGCGCAAAATA 4680
Qy      ||||| 4681 TTTCTCTATTTGATTAAGAGTATGATATTAATTAATTTAATCTTTAATTAATTAAT 4740
Db      ||||| 4681 TTTCTCTATTTGATTAAGAGTATGATATTAATTAATTTAATCTTTAATTAATTAATTAAT 4740
Db      ||||| 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTGTTTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 4800
Qy      ||||| 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTGTTTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 4800
Db      ||||| 4801 TTTGATGATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 4860
Qy      ||||| 4801 TTTGATGATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 4860
Db      ||||| 4861 TTTTAAATTAAGAGTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 4920
Qy      ||||| 4861 TTTTAAATTAAGAGTATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 4920
Db      ||||| 4921 AAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGG 4980
Qy      ||||| 4921 AAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGG 4980
Db      ||||| 4981 AAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGG 4980
Qy      ||||| 4981 AAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGG 4980
Db      ||||| 4981 AAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGGGAATAAGG 4980
Qy      ||||| 5041 CCAGCTTTTAACTTTGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAATTAAGTTTAAATTAAGTTTAA 5100
Db      ||||| 5041 CCAGCTTTTAACTTTGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAATTAAGTTTAAATTAAGTTTAA 5100
Qy      ||||| 5101 TTAAGATTTGCAAGAGCTTAATTAATGCAAAACAGCTTTTAAGTCAATTTGACAGC 5160
Db      ||||| 5101 TTAAGATTTGCAAGAGCTTAATTAATGCAAAACAGCTTTTAAGTCAATTTGACAGC 5160
Qy      ||||| 5161 TTTTAAAGTGAAGCAGGCTTTAAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTA 5220
Db      ||||| 5161 TTTTAAAGTGAAGCAGGCTTTAAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTA 5220
Qy      ||||| 5221 GCTTTTAAAGTGAAGTATTTATCTTAAGTTCACATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5280
Db      ||||| 5221 GCTTTTAAAGTGAAGTATTTATCTTAAGTTCACATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5280
Qy      ||||| 5281 CACATATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5340
Db      ||||| 5281 CACATATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5340
Qy      ||||| 5341 GAAAAGGATAGTCAAGGCTTAATTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTA 5400
Db      ||||| 5341 GAAAAGGATAGTCAAGGCTTAATTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTAATGCTGCTA 5400
Qy      ||||| 5401 TGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5460
Db      ||||| 5401 TGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5460
Qy      ||||| 5461 TTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5520
Db      ||||| 5461 TTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5520
Qy      ||||| 5521 TTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5580
Db      ||||| 5521 TTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5580
Qy      ||||| 5581 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5640
Db      ||||| 5581 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5640
Qy      ||||| 5641 GTCTAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5700
Db      ||||| 5641 GTCTAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5700
Qy      ||||| 5701 GACTTGAGAGTACCTTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCC 5760
Db      ||||| 5701 GACTTGAGAGTACCTTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCC 5760
Qy      ||||| 5761 TTTAAATTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 5820
Db      ||||| 5761 TTTAAATTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 5820
```

QY 5821 ATTGGATAAAGTATGATTTTACTAGCTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTTGAG 5880
 Db 5821 ATTGGATAAAGTATGATTTTACTAGCTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTTGAG 5880
 QY 5881 AACTTCAGATTATGTAACGTAAGTAAGTAAATGTTGCTTTGTTTAAAGTTTGGT 5940
 Db 5881 AACTTCAGATTATGTAACGTAAGTAAGTAAATGTTGCTTTGTTTAAAGTTTGGT 5940
 QY 5941 TTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAACTTATATGAAAAAGGGGCTGCAACGGCCG 6000
 Db 5941 TTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAACTTATATGAAAAAGGGGCTGCAACGGCCG 6000
 QY 6001 GCCCACTAGTGTATGATCAATAGGAAGATCTCAGCTGTTTATGAGATGAGCGTTCT 6060
 Db 6001 GCCCACTAGTGTATGATCAATAGGAAGATCTCAGCTGTTTATGAGATGAGCGTTCT 6060
 QY 6061 TGGTGAATGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
 Db 6061 TGGTGAATGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
 QY 6121 TGTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6180
 Db 6121 TGTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6180
 QY 6181 GAATGCAAGCGTTAAGTATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6240
 Db 6181 GAATGCAAGCGTTAAGTATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6240
 QY 6241 CCATGTAATCAAGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6300
 Db 6241 CCATGTAATCAAGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6300
 QY 6301 AATTCACCTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6360
 Db 6301 AATTCACCTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6360
 QY 6361 AGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6420
 Db 6361 AGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6420
 QY 6421 TGGATATGATGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6480
 Db 6421 TGGATATGATGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6480
 QY 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6540
 Db 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6540
 QY 6541 AGAAACATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
 Db 6541 AGAAACATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
 QY 6601 TCAATCATGATCAACAAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6660
 Db 6601 TCAATCATGATCAACAAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6660
 QY 6661 CAAAACGAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6720
 Db 6661 CAAAACGAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6720
 QY 6721 AAATATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6780
 Db 6721 AAATATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6780
 QY 6781 GTTCCAGTTTTCAGCAAGTGAAGAAAAATGTTGATAGAAATATCAAGGGCAAG 6840
 Db 6781 GTTCCAGTTTTCAGCAAGTGAAGAAAAATGTTGATAGAAATATCAAGGGCAAG 6840
 QY 6841 TGCACAAAGGTGGCCATTAATTTGATGACAGCAAACTTTCCATGATGAAGGAATTA 6900
 Db 6841 TGCACAAAGGTGGCCATTAATTTGATGACAGCAAACTTTCCATGATGAAGGAATTA 6900

QY 6901 AATGGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6960
 Db 6901 AATGGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6960
 QY 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCTAGAAATTTTCA 7020
 Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACTGCACTTCTAGAAATTTTCA 7020
 QY 7021 GATGAGAGCTCTTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7080
 Db 7021 GATGAGAGCTCTTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7080
 QY 7081 ATGATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7140
 Db 7081 ATGATATATCAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7140
 QY 7141 CGGATGGAAGTTTAAATTAAGACTACATGATTTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTG 7200
 Db 7141 CGGATGGAAGTTTAAATTAAGACTACATGATTTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTG 7200
 QY 7201 TTGTACTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7260
 Db 7201 TTGTACTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7260
 QY 7261 TGGTATTTTCTGTTGAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7320
 Db 7261 TGGTATTTTCTGTTGAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7320
 QY 7321 TATTTGTTAATGATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7380
 Db 7321 TATTTGTTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7380
 QY 7381 GTCTATTACTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
 Db 7381 GTCTATTACTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
 QY 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456
 Db 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456

RESULT 2
 LOCUS TOMPGA 7456 bp DNA linear PLN 27-Apr-1993
 DEFINITION Tomato polygalacturonase (PG) Gene, exons 1-9.
 ACCESSION M37304.1 GI:170472
 VERSION M37304.1 GI:170472
 KEYWORDS polygalacturonase.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; Lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 7456)
 AUTHORS Bird,C.R., Smith,C.J., Ray,D.A., Moureau,P., Bevan,M.W., Bird,A.S., Hughes,S., Morris,P.C., Grierson,D. and Schuch,W.
 TITLE The tomato polygalacturonase gene and ripening-specific expression in transgenic plants
 JOURNAL Plant Mol. Biol. 11, 651-662 (1988)
 COMMENT Original source text: Tomato (strain M11 cv Alisa Craig) DNA, clone pTOM6.

FEATURES
 source
 1..7456
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:4081"
 prim_transcript 1411..7456
 CDS
 join(1479..1757,2416..2547,3327..3491,3696..3716,4260..4467,4567..4648,5602..5710,6139..6255,6788..7048)
 /note="polygalacturonase mRNA and introns"
 /note="polygalacturonase"
 /codon_start=1
 /protein_id="AAA34178.1"

```
/db_xref="GI:170473"
/translation="MWIQHNSILLLIIPASSISGRSNVIDNLFKOYNNILIEOF
ADFOAYLSYLSNIESNNIDKVDKNGIKVINLSPGKGGKRYDINAPROAMNEA
CSRRTPVQFVPPKNKXVLLKOTFSGPCSSISVXIFGSLSESSISYKORRLIAP
DSVONLVGGGSGTINNGOVWPPSSKIKNSLPKCDAPALTFMCKNLKVNLSKN
AOQIHKESCTINVASNLINVASASPTDGVHSNTQYQI0ISDIIIGTDICISV
BSQSNQKINLITCGPBGHISISLSGNSBEAVSVNTQYQI0ISDIIIGTDICISV
SQAQNKIFLNMODVKYPIIIDQNYCDRVEPCIQFSAVQKVVYENIKGTSATK
VAIKEDCSNPFCEGIIMENINLVGESGKPSBATCKNVHFNNAEHVTHCTSLSESD
EALVNY"
<1479..1757
/note="polygalacturonase"
/number=1
1758..2415
/note="polygalacturonase intron A"
2416..2547
/number=2
2548..3326
/note="polygalacturonase intron B"
3327..3491
3492..3695
/note="polygalacturonase intron C"
3696..3716
3717..4259
/note="polygalacturonase intron D"
4260..4467
4468..4566
/note="polygalacturonase intron E"
4567..4648
/number=6
4649..5601
/note="polygalacturonase intron F (no splice consensus);
putative"
5602..5710
/number=7
5711..6138
/note="polygalacturonase intron G"
6139..6255
6256..6787
/note="polygalacturonase intron H"
6788..>7048
/note="polygalacturonase"
/number=9

ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 7456; DB 8; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7456; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 AAGCTTCTTAAAAAGCAATGTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATCAATGG 60
Db 1 AAGCTTCTTAAAAAGCAATGTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATCAATGG 60
QY 61 TAAAGCACCTTAAAGAAACCATAGTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCA 120
Db 61 TAAAGCACCTTAAAGAAACCATAGTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATATTAATCA 120
QY 121 TGAATTAATTAATAAAATTTCAATTCGAAAGAGGCTTAATTTCTCAAGTATTGGA 180
Db 121 TGAATTAATTAATAAAATTTCAATTCGAAAGAGGCTTAATTTCTCAAGTATTGGA 180
QY 181 ATGGTACAAAACTACATCGTCCACCTATTTGACTCCAAATTAATTAATTCACACCT 240
Db 181 ATGGTACAAAACTACATCGTCCACCTATTTGACTCCAAATTAATTAATTCACACCT 240
QY 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
Db 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
QY 301 AAAATACATGCGCTCAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
Db 301 AAAATACATGCGCTCAATATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360

QY 361 ACCACTACCAACTCATTAATCATTAATCCACCCAAATTCATATCAAAATGGTCT 420
Db 361 ACCACTACCAACTCATTAATCATTAATCCACCCAAATTCATATCAAAATGGTCT 420
QY 421 AAACACTACTAAACCAAGAAATGGTGAATCCGAAATCGAAGCAACCATTAATTA 480
Db 421 AAACACTACTAAACCAAGAAATGGTGAATCCGAAATCGAAGCAACCATTAATTA 480
QY 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGCACTTTCATATGTAATTTTTCAGCATGAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCCGCATATTTAGAGAGCACTTTCATATGTAATTTTTCAGCATGAATTTGA 540
QY 541 AATTTAGATTAATNGTAAAGAGTAGTACACCCGATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
Db 541 AATTTAGATTAATNGTAAAGAGTAGTACACCCGATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
QY 601 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
Db 601 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
QY 661 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
Db 661 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
QY 721 GTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
Db 721 GTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
QY 781 TATTAACAAATATTTAGCGCCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
Db 781 TATTAACAAATATTTAGCGCCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
QY 841 ACCGTTAGTAAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGCATGAGAAAGGATATTTAGAGCC 900
Db 841 ACCGTTAGTAAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGCATGAGAAAGGATATTTAGAGCC 900
QY 901 AATAGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGAGGATATTTTGT 960
Db 901 AATAGGGGATGAGAGATATTTTGAAGCCAAATGATGATGATGAGGATATTTTGT 960
QY 961 ATCATTTCTAATCTTTAAAGATTTTAAAGTCAATTTCCCTCTTAAATTAATTAATTA 1020
Db 961 ATCATTTCTAATCTTTAAAGATTTTAAAGTCAATTTCCCTCTTAAATTAATTAATTA 1020
QY 1021 TAGGTGATTCATGATATCATCATATTAATTTCCGCTTAAATTAATTTTATTAATTA 1080
Db 1021 TAGGTGATTCATGATATCATCATATTAATTTCCGCTTAAATTAATTTTATTAATTA 1080
QY 1081 AATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAACTTGAATGTAATTTTAAATA 1140
Db 1081 AATTTTAAAAAATTAATTAATTTTTCATTTAACTTGAATGTAATTTTAAATA 1140
QY 1141 TTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1200
Db 1141 TTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1200
QY 1201 TTATTTCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1260
Db 1201 TTATTTCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1260
QY 1261 GGGAGAAAGACAGCGAGACAAAAATGTCAAGAACTCTTGTCTAATATCTCATC 1320
Db 1261 GGGAGAAAGACAGCGAGACAAAAATGTCAAGAACTCTTGTCTAATATCTCATC 1320
QY 1321 CAAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
Db 1321 CAAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
QY 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTATCATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440
Db 1381 TATTAATTAAGCAAAACCTTCCATACCTCTTATCATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1440
QY 1441 TAGACAAGTTTAAAAACATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
```


1441 TAGACAGTTTAAAAACATACATATACATATCATGTTATCCAAAGAAATAGTA 1500
QY 1501 TTCTCCCTTCATATATATTTTGGCTTCATCAATTTCACTTGTAGAACAAATTTATG 1560
Db 1501 TTCTCCCTTCATATATATTTTGGCTTCATCAATTTCACTTGTAGAACAAATTTATG 1560
QY 1561 ATGACATATTTATTTCAACAGTTTATGATTAATTTCTTGAAACAAGATTTGCTCATGAT 1620
Db 1561 ATGACATATTTATTTCAACAGTTTATGATTAATTTCTTGAAACAAGATTTGCTCATGAT 1620
QY 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTTATTTAGCAAAAATATTTGAAGCAACATTAATTTGCAAGG 1680
Db 1621 TTCAAGCTTATCTTTCTTATTTAGCAAAAATATTTGAAGCAACATTAATTTGCAAGG 1680
QY 1681 TTGATTAATAATGGATTTAAAGATTTAAATGATTAATGATTAATGATTTGAGGCTAGAGTGA 1740
Db 1681 TTGATTAATAATGGATTTAAAGATTTAAATGATTAATGATTAATGATTTGAGGCTAGAGTGA 1740
QY 1741 AAACATATGATTAATTTGTAAGTATTTAAATATGGAATATATTTGTGGGATGAATAAG 1800
Db 1741 AAACATATGATTAATTTGTAAGTATTTAAATATTTGGAATATATTTGTGGGATGAATAAG 1800
QY 1801 ATAGAGATATTAAGAAATTTATTTGGAGATGAAAAGTTATATTTTAAAGTAAAGTAAAT 1860
Db 1801 ATAGAGATATTAAGAAATTTATTTGGAGATGAAAAGTTATATTTTAAAGTAAAGTAAAT 1860
QY 1861 ATTTTTCGCTTTTATGATTAATGATTAATGATTTCTGTTTAAAGGAGAAAAGCTAT 1920
Db 1861 ATTTTTCGCTTTTATGATTAATGATTAATGATTTCTGTTTAAAGGAGAAAAGCTAT 1920
QY 1921 TTTCATGATTAATGATTTTATTTTCTTTTAAATGATTAATGATTTTCTATATCTC 1980
Db 1921 TTTCATGATTAATGATTTTATTTTCTTTTAAATGATTAATGATTTTCTATATCTC 1980
QY 1981 AAGAAATAGACACTTATTTATGATTAATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGAATGATTTG 2040
Db 1981 AAGAAATAGACACTTATTTATGATTAATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGATGATTTG 2040
QY 2041 CTTATATTAACATCAATTTCTTATGATTAATTTTCAACCAAAATTAACAAGCTAT 2100
Db 2041 CTTATATTAACATCAATTTCTTATGATTAATTTTCAACCAAAATTAACAAGCTAT 2100
QY 2101 CCAATAGTGGGCTTCAGAAATTAAGAGTATGATTAATGATTTCTTAACTTAACTTAT 2160
Db 2101 CCAATAGTGGGCTTCAGAAATTAAGAGTATGATTAATGATTTCTTAACTTAACTTAT 2160
QY 2161 TTTAGTGAACCTCGACAAAAGCAACAACTGATTCAACTTTTATTCGGAATTCG 2220
Db 2161 TTTAGTGAACCTCGACAAAAGCAACAACTGATTCAACTTTTATTCGGAATTCG 2220
QY 2221 AGACCAACATGACAACTCGACACATGATTAATGATTTCTTAACTTAACTTAT 2280
Db 2221 AGACCAACATGACAACTCGACACATGATTAATGATTTCTTAACTTAACTTAT 2280
QY 2281 AAAAATATCTTCATCTACATATTTGAATTTGAATAATGAACTTATCTTAACTTAACT 2340
Db 2281 AAAAATATCTTCATCTACATATTTGAATTTGAATAATGAACTTATCTTAACTTAACT 2340
QY 2341 CATATATCAAGTTCCTTTTAAAGATTTACATCACTTATGATTTCTTATCTGAT 2400
Db 2341 CATATATCAAGTTCCTTTTAAAGATTTTACATCACTTATGATTTCTTATCTGAT 2400
QY 2401 AAAATATCTTTTCAGGATTTGAGCAAGCATGAAATGAGATTTCTTAACTTAACT 2460
Db 2401 AAAATATCTTTTCAGGATTTGAGCAAGCATGAAATGAGATTTCTTAACTTAACT 2460
QY 2461 GTTCAATTTGTGCTTAAAGATTTAAAGATTTATCTTCAAGCAAAATCACTTTGAGGT 2520
Db 2461 GTTCAATTTGTGCTTAAAGATTTAAAGATTTATCTTCAAGCAAAATCACTTTGAGGT 2520
QY 2521 CCATGAGATCTTCTATTTTCAGTAAAGTATGATTAATTTATCTTCTTTGTT 2580
Db 2521 CCATGAGATCTTCTATTTTCAGTAAAGTATGATTAATTTATCTTCTTTGTT 2580

2521 CCATGAGATCTTCTATTTTCAGTAAAGTATGATTAATTTATCTTCTTTGTT 2580
QY 2581 AGCAATATATTTCTGTTTATAGCAAAATTTAAGAAAGTATCAAAAGATTAACAA 2640
Db 2581 AGCAATATATTTCTGTTTATAGCAAAATTTAAGAAAGTATCAAAAGATTAACAA 2640
QY 2641 TGAATTTTCCTCACTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATTTCAAAATGTTATGTTACTTA 2700
Db 2641 TGAATTTTCCTCACTAATTTAGCGGATTTAGAGAAATTTCAAAATGTTATGTTACTTA 2700
QY 2701 TGAGCAACTTACGATTAATTTAGCTAGTGAAGAGTTTGAATGCTTATTTCTTATTTT 2760
Db 2701 TGAGCAACTTACGATTAATTTAGCTAGTGAAGAGTTTGAATGCTTATTTCTTATTTT 2760
QY 2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTAATTTTAAATTTATGCTTAAATTTAATG 2820
Db 2761 TGTAGTAAAGATTTTGAACACATGATTAATTTTAAATTTATGCTTAAATTTAATG 2820
QY 2821 TCAATGATAGTTCAAACTAAGAACTGTCAAAAGAAATTAAGAAATATTTATTTT 2880
Db 2821 TCAATGATAGTTCAAACTAAGAACTGTCAAAAGAAATTAAGAAATATTTATTTT 2880
QY 2881 TAAATTAATTTAAAGAAATTAATGAGAAATTAATTTCAAGCGAGAGTATTAATTA 2940
Db 2881 TAAATTAATTTAAAGAAATTAATGAGAAATTAATTTCAAGCGAGAGTATTAATTA 2940
QY 2941 TCTATGAGGATTAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3000
Db 2941 TCTATGAGGATTAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3000
QY 3001 GTCTCATTAATGATTAATTTAAATTTAGTGTAGAACAACTGATTCCTACAAAACCTTT 3060
Db 3001 GTCTCATTAATGATTAATTTAAATTTAGTGTAGAACAACTGATTCCTACAAAACCTTT 3060
QY 3061 GTGGGGATGATTCAGATTCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGTAAATAAAATGTTTTCT 3120
Db 3061 GTGGGGATGATTCAGATTCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGTAAATAAAATGTTTTCT 3120
QY 3121 AAATTAATTTGAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3180
Db 3121 AAATTAATTTGAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3180
QY 3181 AAATTAATTAAGTATCAAACTAAGTAAACGAAATTAACATGAAATTAATCACTTAAATGAAA 3240
Db 3181 AAATTAATTAAGTATCAAACTAAGTAAACGAAATTAACATGAAATTAATCACTTAAATGAAA 3240
QY 3241 TTTAGTGGCTTTTCTTTAATATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3300
Db 3241 TTTAGTGGCTTTTCTTTAATATATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3300
QY 3301 TATTTTTTTGAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3360
Db 3301 TATTTTTTTGAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3360
QY 3361 CAGACTCAAAAGATTAAGAGCTTGTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 3420
Db 3361 CAGACTCAAAAGATTAAGAGCTTGTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 3420
QY 3421 GAGAGAGGAACTATCAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGA 3480
Db 3421 GAGAGAGGAACTATCAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGAATGGA 3480
QY 3481 ATTAATCACTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3540
Db 3481 ATTAATCACTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3540
QY 3541 TTTAACTTGTCTTAAAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3600
Db 3541 TTTAACTTGTCTTAAAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3600
QY 3601 TTAGAGATTCGACCAATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3660
Db 3601 TTAGAGATTCGACCAATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 3660

```
QY 3661 TACTGATCATGTTGTTACCTTTTCTTGATGAGCCATGCAAGGATGCAACCAAGCTAC 3720
|||
Db 3661 TACTGATCATGTTGTTACCTTTTCTTGATGAGCCATGCAAGGATGCAACCAAGCTAC 3720
QY 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGATATAAAAAAAGCCCTAAATATATTTGATTTTATTTGA 3780
|||
Db 3721 GTTAATTCGATTTGATTTGATATAAAAAAAGCCCTAAATATATTTGATTTTATTTGA 3780
QY 3781 AAGGTATATATATTTCTTAACCTTGGGCGAGACCTATTAACCCCTGCACTATTTAAAGT 3840
|||
Db 3781 AAGGTATATATATTTCTTAACCTTGGGCGAGACCTATTAACCCCTGCACTATTTAAAGT 3840
QY 3841 GTATTTTAAAGATATATAAAGGTGTTAGTTGAAAACAAAATTTAGATTTCAAAAACATTT 3900
|||
Db 3841 GTATTTTAAAGATATATAAAGGTGTTAGTTGAAAACAAAATTTAGATTTCAAAAACATTT 3900
QY 3901 TGAATAATTAATTAATTTGCAATTTTGTGCAATGCAATATGATTTAAAAATATTTAGTTA 3960
|||
Db 3901 TGAATAATTAATTAATTTGCAATTTTGTGCAATGCAATATGATTTAAAAATATTTAGTTA 3960
QY 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTTAAATAATTAATAATCAAGCAAACTAGTAGACGAGAA 4020
|||
Db 3961 AAGTCTTATGATTTGATTTCTTAAATAATTAATAATCAAGCAAACTAGTAGACGAGAA 4020
QY 4021 GTATATTAACAATACCTCTTCAAGTAGAATCGAATTTGTAACAACAACCTCAAAACCTAGCT 4080
|||
Db 4021 GTATATTAACAATACCTCTTCAAGTAGAATCGAATTTGTAACAACAACCTCAAAACCTAGCT 4080
QY 4081 TTCTCGATTTATATTTCTTATTTCTTTAATAGAAACAAAGCTATAGTTCTGTCAA 4140
|||
Db 4081 TTCTCGATTTATATTTCTTATTTCTTTAATAGAAACAAAGCTATAGTTCTGTCAA 4140
QY 4141 AATCTATACATTTGGAACCTGATCTTTGACCGCTGTACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
|||
Db 4141 AATCTATACATTTGGAACCTGATCTTTGACCGCTGTACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
QY 4201 GATGATGATATTTAATCTTTGTATTTAAATATTAATACTATATTTGTTTATTTTCAAG 4260
|||
Db 4201 GATGATGATATTTAATCTTTGTATTTAAATATTAATACTATATTTGTTTATTTTCAAG 4260
QY 4261 CCTTACCTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAAGTAATCTTAAAGATGAAAATGCAAC 4320
|||
Db 4261 CCTTACCTTCTGGAATTTGCAAAATTTGAAAAGTAATCTTAAAGATGAAAATGCAAC 4320
QY 4321 AACAATTTCAATTAATTTGAGTCATGCACTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
|||
Db 4321 AACAATTTCAATTAATTTGAGTCATGCACTAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
QY 4381 ATGCTTCAGCAAAAGAGCCAAATCTGATGAGGCCATGATCAATATCTCAATATATTC 4440
|||
Db 4381 ATGCTTCAGCAAAAGAGCCAAATCTGATGAGGCCATGATCAATATCTCAATATATTC 4440
QY 4441 AAATATTTGATCTATTTATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTTATTTTATTCATTTA 4500
|||
Db 4441 AAATATTTGATCTATTTATTTGAAACAGGTTTATTTAATTTTATTTTATTCATTTA 4500
QY 4501 AATAGAAAAAAGAGATATTTTATTTGATATCTAATATTTAATTTTATTTTATTTT 4560
|||
Db 4501 AATAGAAAAAAGAGATATTTTATTTGATATCTAATATTTAATTTTATTTTATTTT 4560
QY 4561 TTATAGTATGATTTGATTTCAATGTTTCTGATCTCAAAATGCGAGGCCAACAATA 4620
|||
Db 4561 TTATAGTATGATTTGATTTCAATGTTTCTGATCTCAAAATGCGAGGCCAACAATA 4620
QY 4621 TTATCTGTGTCAGGTCATGCTATGATTAAGGTAATCTATTTTCAAAATATCTGTTTCCAT 4680
|||
Db 4621 TTATCTGTGTCAGGTCATGCTATGATTAAGGTAATCTATTTTCAAAATATCTGTTTCCAT 4680
QY 4681 TTCTCTATTTCAATAAAGGTATGATATATAATACTTTAATCTTTAATTTAATTT 4740
|||
Db 4681 TTCTCTATTTCAATAAAGGTATGATATATAATACTTTAATCTTTAATTTAATTT 4740
QY 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTACACAATAATTAAGGCCG 4800
|||
Db 4741 TATTTGCAAAATTTTCTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTACACAATAATTAAGGCCG 4800
QY 4801 TTTGATGGGCGAATTAAGCAGCTTTAAATAAGTCTTTTAAAGTGTGAACCTTATTT 4860
|||
Db 4801 TTTGATGGGCGAATTAAGCAGCTTTTAAATAAGTCTTTTAAAGTGTGAACCTTATTT 4860
QY 4861 TTTTAAATTAAGCATTAATCGGTTTGTGATTAAGTGCGAAGTTGTATGTCAAACGTGA 4920
|||
Db 4861 TTTTAAATTAAGCATTAATCGGTTTGTGATTAAGTGCGAAGTTGTATGTCAAACGTGA 4920
QY 4921 AAGGAAAAATGGAAGAAAGAAATGTTAGGTTATATGCGTTATTTGATTAATAATATTA 4980
|||
Db 4921 AAGGAAAAATGGAAGAAAGAAATGTTAGGTTATATGCGTTATTTGATTAATAATATTA 4980
QY 4981 AGCACAATAAAGATTAATAATGCGTCAACTTAATAACAACCTTATAGCTACCTACCTAC 5040
|||
Db 4981 AGCACAATAAAGATTAATAATGCGTCAACTTAATAACAACCTTATAGCTACCTACCTAC 5040
QY 5041 CCAGCTTTTACCTTTGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAACTTAATAATTAAGTTGT 5100
|||
Db 5041 CCAGCTTTTACCTTTGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAACTTAATAATTAAGTTGT 5100
QY 5101 TTGATATGCGCAAAAGCTAATAATATGCAAAACCAAGTTTAAAGTCAGTTGACACAG 5160
|||
Db 5101 TTGATATGCGCAAAAGCTAATAATATGCAAAACCAAGTTTAAAGTCAGTTGACACAG 5160
QY 5161 TTTTAAAGTGAACCAACAGGCTTTAAATATGCTGTAGATGCTATATATTTTGA 5220
|||
Db 5161 TTTTAAAGTGAACCAACAGGCTTTAAATATGCTGTAGATGCTATATATTTTGA 5220
QY 5221 GCTTTTGTGAAGTATATTTATCTTAAAGTCAACAATAATCAAGCTTTAAACATAG 5280
|||
Db 5221 GCTTTTGTGAAGTATATTTATCTTAAAGTCAACAATAATCAAGCTTTAAACATAG 5280
QY 5281 CACATATAGTTATCAAAAGAGCAAGATGATGAATAATTTTGGAAATTTGATTAATCA 5340
|||
Db 5281 CACATATAGTTATCAAAAGAGCAAGATGATGAATAATTTTGGAAATTTGATTAATCA 5340
QY 5341 GAAAAAGGATGTTCAAAAGTGTACATTTCAATGAATGAATGAATATCATTAAGACTAAAT 5400
|||
Db 5341 GAAAAAGGATGTTCAAAAGTGTACATTTCAATGAATGAATGAATATCATTAAGACTAAAT 5400
QY 5401 TAGAAGATCAATATTAAGGATCAAAAATGTTAATCTAATTAATAATCTATTCAT 5460
|||
Db 5401 TAGAAGATCAATATTAAGGATCAAAAATGTTAATCTAATTAATAATCTAATTCAT 5460
QY 5461 TTTCAATTAATAATTAACATTAATTAAGAGTGTATTAATACTAATAAATCATGCAATAATTA 5520
|||
Db 5461 TTTCAATTAATAATTAACATTAATTAAGAGTGTATTAATACTAATAAATCATGCAATAATTA 5520
QY 5521 TTGACGAATGAGTTTGTGATCTATATCTTTCTGAATTTTGTGCTATTTTCTCT 5580
|||
Db 5521 TTGACGAATGAGTTTGTGATCTATATCTTTCTGAATTTTGTGCTATTTTCTCT 5580
QY 5581 TTTTATTTTCCAGATTAATCTATTTGAGAGCTTGAAGTGTGAATTCAGAGCTTAATG 5640
|||
Db 5581 TTTTATTTTCCAGATTAATCTATTTGAGAGCTTGAAGTGTGAATTCAGAGCTTAATG 5640
QY 5641 GTCTAATGTTATCTGTAATAAGCAAAATTAATCGGTGCGAAATGAGTATGATCA 5700
|||
Db 5641 GTCTAATGTTATCTGTAATAAGCAAAATTAATCGGTGCGAAATGAGTATGATCA 5700
QY 5701 GACTTGGCAGGTACCCCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCATTTTATTTATTTT 5760
|||
Db 5701 GACTTGGCAGGTACCCCTCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCATTTTATTTATTTT 5760
QY 5761 TTAATTTTATTTGATATCAATATTAATAAGATTAATTTGATTTCAATGTTTGAATTTAT 5820
|||
Db 5761 TTAATTTTATTTGATATCAATATTAATAAGATTAATTTGATTTCAATGTTTGAATTTAT 5820
QY 5821 ATTTGATTAAGTATGATTTTATCTAGCTTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTTTCA 5880
```

```

Db      5821 ATTGGATTAAGTATGATTTTCTAGCTTCTATGTTATATAGAAAAAATATGTTCAAG 5880
Qy      5881 AACTTCAGATTTATGTAAGTCTGTAAGTAAATGATGCTTTGTTTAAAGTTGGT 5940
Db      5881 AACTTCAGATTTATGTAAGTCTGTAAGTAAATGATGCTTTGTTTAAAGTTGGT 5940
Qy      5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAACTATATATGAAAAAGGGGCTCAACGGCCG 6000
Db      5941 TTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAAACTATATATGAAAAAGGGGCTCAACGGCCG 6000
Qy      6001 GCCCAGTAGTCTAGTATCAATAGAAAGATCTCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
Db      6001 GCCCAGTAGTCTAGTATCAATAGAAAGATCTCAAGTCTGTTTATTCAGATGACGTTCT 6060
Qy      6061 TGGTGAATGTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6120
Db      6061 TGGTGAATGTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6120
Qy      6121 TGTGCTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6180
Db      6121 TGTGCTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6180
Qy      6181 GAAATGCAAGCGTTAAAGTATCCCATATATATATAGACCAAACTATGATGCAATGAA 6240
Db      6181 GAAATGCAAGCGTTAAAGTATCCCATATATATATAGACCAAACTATGATGCAATGAA 6240
Qy      6241 CCATGATATACACAGGTAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 6300
Db      6241 CCATGATATACACAGGTAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 6300
Qy      6301 AAATCAGCTTACATCATTAATAAATCTTGAGATCTTTCACTAGTAGTAATCTTTTGAAT 6360
Db      6301 AAATCAGCTTACATCATTAATAAATCTTGAGATCTTTCACTAGTAGTAATCTTTTGAAT 6360
Qy      6361 AGATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6420
Db      6361 AGATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6420
Qy      6421 TGGACATATGCTCTAATAAATCTTGTTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAATATGTTAGA 6480
Db      6421 TGGACATATGCTCTAATAAATCTTGTTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAATATGTTAGA 6480
Qy      6481 TTATATCTAATAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6540
Db      6481 TTATATCTAATAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6540
Qy      6541 AGAAACATATATACATTAATAAATCTTGTTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAATATGTTAGA 6600
Db      6541 AGAAACATATATACATTAATAAATCTTGTTAAAGTAACTGAATATCATTAAGAAATATGTTAGA 6600
Qy      6601 TCATATCTGACATACAAAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6660
Db      6601 TCATATCTGACATACAAAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6660
Qy      6661 CAAAAGCAATCAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6720
Db      6661 CAAAAGCAATCAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6720
Qy      6721 AAAATCATTAAGTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6780
Db      6721 AAAATCATTAAGTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6780
Qy      6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTCAAGTGAATAATGCTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
Db      6781 GTTCCAGTTTTCAGCAGTCAAGTGAATAATGCTGTATGAGAAATATCAAGGGCACAAG 6840
Qy      6841 TGCAACAAAGGTGGCATTAATAATTTGATGACGCAAACTTTCCATGATGAAAGGAATTAAT 6900
Db      6841 TGCAACAAAGGTGGCATTAATAATTTGATGACGCAAACTTTCCATGATGAAAGGAATTAAT 6900
Qy      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960
Db      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960

```

```

Db      6901 AATGGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 6960
Qy      6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACACACTGACTTCATGAATTTTCAGA 7020
Db      6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACACACTGACTTCATGAATTTTCAGA 7020
Qy      7021 GGATGAAGCTCTTTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7080
Db      7021 GGATGAAGCTCTTTGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7080
Qy      7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 7140
Db      7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATATATATATATATATATATATATATATAT 7140
Qy      7141 CGGATGAAGTTTAAATTAACACTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7200
Db      7141 CGGATGAAGTTTAAATTAACACTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7200
Qy      7201 TTTGACTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7260
Db      7201 TTTGACTTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7260
Qy      7261 TGGTATTTCTGTTGAACTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7320
Db      7261 TGGTATTTCTGTTGAACTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7320
Qy      7321 TATTTGTTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7380
Db      7321 TATTTGTTATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7380
Qy      7381 GTCTATTAATCTTGTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7440
Db      7381 GTCTATTAATCTTGTGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 7440
Qy      7441 AGTGAATATATTAAGAG 7456
Db      7441 AGTGAATATATTAAGAG 7456

RESULT 3
PCCCHRAE 7471 bp DNA linear PLN 02-MAY-1996
LOCUS Capsicum annuum chromoplast chra gene fragment.
DEFINITION L47242
ACCESSION L47242.1 GI:986929
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
Capsicum annuum
Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Capsicum.
REFERENCE
1 (bases 1 to 7471)
AUTHORS Hadjeb,N. and Price,C.A.
TITLE Isolation of chra a chromoplast specific gene from Capsicum annuum
JOURNAL Thesis (1993)
FEATURES
source
1..7471
/organism="Capsicum annuum"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="Chromoplast Capsicum annuum"
/db_xref="taxon:4072"
/note="(vector lambda FIX II)"

ORIGIN
Query Match 29.1%; Score 2167; DB 8; Length 7471;
Best Local Similarity 95.8%; Pred. No. 5e-245;
Matches 2276; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 99; Gaps 1;

Qy 1046 TATTAATTCGCTCTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1105
Db 500 TATTAATTCGCTCTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 559
Qy 1106 TCATATTAATCTGATGTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1165

```

```
Db 560 TCCATTTAACTTGATGTATTAATTTTAAATAATTAACCAATTAATAATTAAT 619
Qy 1166 ATTTAAAGAAATGTAACATTAATTTTTTAAATTTCAATAATTAATTTTTTAAAC 1225
Db 620 ATTTAAAGAAATGTAACATTAATTTTTTAAATTTCAATAATTAATTTTTTAAAC 679
Qy 1226 ATCATTAAGAAATGTAACATTAATTTTTTAAATTTCAATAATTAATTTTTTAAAC 1285
Db 680 ATCATTAAGAAATGTAACATTAATTTTTTAAATTTCAATAATTAATTTTTTAAAC 739
Qy 1286 GTCCAGAAATCTTTGCTTAATAATCTCTCAATCCAACTAATTAATTAATCCATTACA 1345
Db 740 GTCCAGAAATCTTTGCTTAATAATCTCTCAATCCAACTAATTAATTAATCCATTACA 799
Qy 1346 TTAAACATATGCAACCACTCAAACTTAATAATCTAATAATGCAAACTTTCCCAATA 1405
Db 800 TTAAACATATGCAACCACTCAAACTTAATAATCTAATAATGCAAACTTTCCCAATA 859
Qy 1406 CCTCTATCATTAATAATAATAATCTTTTCAATGACAACTTAATAATCCATACAT 1465
Db 860 CCTCTATCATTAATAATAATAATCTTTTCAATGACAACTTAATAATCCATACAT 919
Qy 1466 ATTAACAATATATCATG----- 1481
Db 920 ATTAACAATATATCATGCTACTTCTTCAATGAGCTCTTCTCTCAATTTGCGGAAA 979
Qy 1482 -----GTTAT 1486
Db 980 GCGGTTAAACTCTCCCAAGTGAATTTCTGATCTTCTCAACCTCAAAAGCCAGTTAT 1039
Qy 1487 CCAAGGAATAGTATTTCTCTCTCTCTCTATTAATTTTGGCTTCATCAATTTCAACTTGGAG 1546
Db 1040 CCAAGGAATAGTATTTCTCTCTCTCTCTATTAATTTTGGCTTCATCAATTTCAACTTGGAG 1099
Qy 1547 AAGCAATGTTATGTAACAATTTATTAACAAGTTATGATTAATTTCTTGAACAGA 1606
Db 1100 AAGCAATGTTATGTAACAATTTATTTTCAACAAGTTATGATTAATTTCTTGAACAGA 1159
Qy 1607 ATTTGCTATGATTTTCAAGCTTAATCTTTCTAATTTGACAAAATAATTTGAACAGAA 1666
Db 1160 ATTTGCTATGATTTTCAAGCTTAATCTTTCTAATTTGACAAAATAATTTGAACAGAA 1219
Qy 1667 TAATATGCAAGGTGATTAATAAATGGATTAAGGATTAATGATCTTACCTTTGGAGC 1726
Db 1220 TAATATGCAAGGTGATTAATAAATGGATTAAGGATTAATGATCTTACCTTTGGAGC 1279
Qy 1727 TAAGGATGAGAAAAATATATGATTAATTTGATTAATTTGAATATATTTG 1786
Db 1280 TAAGGATGAGAAAAATATATGATTAATTTGATTAATTTGAATATATTTG 1339
Qy 1787 TGCGGATGAGAAAAATATGATTAATTTGATTAATTTGAGAGATGAAAGTTATATTTA 1846
Db 1340 TGCGGATGAGAAAAATATGATTAATTTGATTAATTTGAGAGATGAAAGTTATATTTA 1399
Qy 1847 TAAAGTGAATAATTTCTCGTTTATGATTAAGTGAATAATAGTTCTCGTTAG 1906
Db 1400 TAAAGTGAATAATTTCTCGTTTATGATTAAGTGAATAATAGTTCTCGTTAG 1459
Qy 1907 CGAGGAAGAACTATTTTCTGTTAATCTGATTTTCTTTTAACTTTTAACTGATAG 1966
Db 1460 CGAGGAAGAACTATTTTCTGTTAATCTGATTTTCTTTTAACTTTTAACTGATAG 1519
Qy 1967 TATTTGCTATCTCAAGAAATTAAGACTTAATTAATGATTAAGTGGCTCGAAAGAAAT 2026
Db 1520 TATTTGCTATCTCAAGAAATTAAGACTTAATTAATGATTAAGTGGCTCGAAAGAAAT 1579
Qy 2027 TGAATGATTTTCTTAAATATTAATATCAATTTCTTATATGATTAATTTTCAACCAAA 2086
Db 1580 TGAATGATTTTCTTAAATATTAATATCAATTTCTTATATGATTAATTTTCAACCAAA 1639
Qy 2087 TAAACAAAGGTAATCAATTAAGTGGCTCTGTAATTAAGATTAAGTTCTATCAATTTCT 2146
Db 1640 TAAACAAAGGTAATCAATTAAGTGGCTCTGTAATTAAGATTAAGTTCTATCAATTTCT 1699
Qy 2147 TAACTTATTTAATTTTAAAGTGAACCTCGACAAAACGAAACCAAGGATTTCAACTTTT 2206
Db 1700 TAACTTATTTAATTTTAAAGTGAACCTCGACAAAACGAAACCAAGGATTTCAACTTTT 1759
Qy 2207 ATATTCGGAATTCGAGACCAACCATATGAACAACCTCAACATGATTAATGCTTAATAT 2266
Db 1760 ATATTCGGAATTCGAGACCAACCATATGAACAACCTCAACATGATTAATGCTTAATAT 1819
Qy 2267 ATATTAATTTTCTTAATAATAATTTCTTCAATCTACATATTTGAATATTTGAATAATGACTTT 2326
Db 1820 ATATTAATTTTCTTAATAATAATTTCTTCAATCTACATATTTGAATATTTGAATAATGACTTT 1879
Qy 2327 TATCTATGCAACATTAATCAAGATTTCTTTAAGAATTTACGCTAATTTGGGTATG 2386
Db 1880 TATCTATGCAACATTAATCAAGATTTCTTTAAGAATTTACGCTAATTTGGGTATG 1939
Qy 2387 TTTCTTATGCTGTTAAATAATTTCTTCAAGCATTTGAGCAACATGAAATGAAGCATGT 2446
Db 1940 TTTCTTATGCTGTTAAATAATTTCTTCAAGCATTTGAGCAACATGAAATGAAGCATGT 1999
Qy 2447 CATCTAGAACACCTGTTCAATTTGTTGTTCTTAATAAAGAAATTAATCTTCAAGCAA 2506
Db 2000 CATCTAGAACACCTGTTCAATTTGTTGTTCTTAATAAAGAAATTAATCTTCAAGCAA 2059
Qy 2507 TCACCTTTGAGGTCATGACATCTTCTAATTCAGTAAGGTTAGCATTAATTTATTT 2566
Db 2060 TCACCTTTGAGGTCATGACATCTTCTAATTCAGTAAGGTTAGCATTAATTTATTT 2119
Qy 2567 ATATCTCTTTGTTGCAATATATATCTGTTTATGCAAAATTTAAGAAATGATCA 2626
Db 2120 ATATCTCTTTGTTGCAATATATATCTGTTTATGCAAAATTTAAGAAATGATCA 2179
Qy 2627 AGATAGATTAACAATGAATTTTCTGCTAATAATTTAGCGGATTAAGTGAATTAACA 2686
Db 2180 AGATAGATTAACAATGAATTTTCTGCTAATAATTTAGCGGATTAAGTGAATTAACA 2239
Qy 2687 TGTATATGCTATGACCACTTAAGCTATGAAATTTAGCTAAGAAAGTTGATGCTAA 2746
Db 2240 TGTATATGCTATGACCACTTAAGCTATGAAATTTAGCTAAGAAAGTTGATGCTAA 2299
Qy 2747 TTTCAATTTTCTTGTGAGTAAAGATTAATTTGAACACATGTTAATTAATTAATG 2806
Db 2300 TTTCAATTTTCTTGTGAGTAAAGATTAATTTGAACACATGTTAATTAATTAATG 2359
Qy 2807 TCTTAATTAATATGCTCAATGATGTTCAACTAAGAACTGTCAAAAGAAATTAAGAA 2866
Db 2360 TCTTAATTAATATGCTCAATGATGTTCAACTAAGAACTGTCAAAAGAAATTAAGAA 2419
Qy 2867 GAAATATTTATTTTAAATTAATTTAAGAAATTAAGAAATTAATTTCAAGCGAG 2926
Db 2420 GAAATATTTATTTTAAATTAATTTAAGAAATTAAGAAATTAATTTCAAGCGAG 2479
Qy 2927 AAGGATTAACATATCTATGAGGATTAAGAAATTAATATATATTAAGAAACGACATAC 2986
Db 2480 AAGGATTAACATATCTATGAGGATTAAGAAATTAATATATATTAAGAAACGACATAC 2539
Qy 2987 ACATATCTAATTAAGTCTCAATAATGATTAATAAATAATGCTGTAAGCAACGTTATCC 3046
Db 2540 ACATATCTAATTAAGTCTCAATAATGATTAATAAATAATGCTGTAAGCAACGTTATCC 2599
Qy 3047 CTACAAAACCTTTTGTGGGTGATGATGATCCAGAGGTTGTTCCAGACCTTGCTTAATA 3106
Db 2600 CTACAAAACCTTTTGTGGGTGATGATGATCCAGAGGTTGTTCCAGACCTTGCTTAATA 2659
Qy 3107 AAAATGTTTTTCTAATAATAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAATAATGAAGAAAA 3166
Db 2660 AAAATGTTTTTCTAATAATAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAATAATGAAGAAAA 2719
Qy 3167 CATATCAATTTAATAATAATTAAGTAATCAAGTAATCAAGAAATTAATGAATGAATATA 3226
Db 2720 CATATCAATTTAATAATAATTAAGTAATCAAGTAATCAAGAAATTAATGAATGAATATA 2779
```

Qy 3227 CTGATTAATGAAATTTAGTGGCTTTTCGTTAACAATATCTTAGTTATTCATTTCT 3286
Db 2780 CTGATTAATGAAATTTAGTGGCTTTTCGTTAACAATATCTTAGTTATTCATTTCT 2839
Qy 3287 TTAATTTCCCTCTTCTTATTTTTTTGAAATTAACTA 3321
Db 2840 TTAATTTCCCTCTTCTTATTTTTTTGAAATTAACTA 2874

RESULT 4
LEGS
LOCUS 2207 bp DNA linear PLN 09-SEP-2004
DEFINITION Lycopersicon esculentum gene for polygalacturonase (PG), exon 1.
ACCESSION X07410
VERSION X07410.1 GI:19295
KEYWORDS PG gene; polygalacturonase.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
1 (bases 1 to 2207)
Rose, R.E., Houck, C.M., Monson, E.K., Dedebus, C.E., Sheehy, R.E. and
Halt, W.R.
The nucleotide sequence of the 5' flanking region of a tomato
polygalacturonase gene
Nucleic Acids Res. 16 (14B), 7191 (1988)
JOURNAL MEDLINE 88303350
PUBMED 3405769
2 (bases 1 to 2207)
REFERENCE Rose, R.E.
AUTHORS Direct Submission
JOURNAL Submitted (19-APR-1988) Rose R.E., Calgene Inc., 1920 Fifth Street,
Davis, CA 95616, USA
3 (bases 1 to 2207)
REFERENCE Rose, R.E.
AUTHORS Direct Submission
JOURNAL Submitted (16-DEC-1988)
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..2207
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:4081"
908
/citation=[2]
/replace="r"
1382..1388
/note="TATA box"
1480..>1758
/note="unnamed protein product; PG protein"
/codon_start=1
/protein_id="CAA30308.1"
/db_xref="GI:19296"
/db_xref="UniProt/TREMBL:Q7DMS6"
/translation="MWIQRNSILLIIFSSISSTGRSVIINDLFRQVYDNLLEQRF
AHDFQATLSYLSKNIESNNNDKDKNGIKIVNLSGAGDKTYDNI"
1480..1758
/number=1
1759..>2207
/number=1

ORIGIN
Query Match 27.1%; Score 2024; DB 8; Length 2207;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 4e-228;
Matches 2150; Conservative 0; Mismatches 25; Indels 11; Gaps 10;

Qy 1 AAGCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
Db 1 AAGCTCTTAAAGGCAATTTGATTAATTGAAGTCAAAATTAATTAATTAACAATGG 60
Qy 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Db 1 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120

Db 61 TAAAGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Qy 121 TGAATATATTAATAAATTTCAATTGAAAGGGCTTAAATATTCGAAGTATGGA 180
Db 121 TGAATATATTAATAAATTTCAATTGAAAGGGCTTAAATATTCGAAGTATGGA 180
Qy 181 ATGGTACAAACTACCAATCCGTCACCTATTTGACTCCAAATATAATTAATATTCACCTT 240
Db 181 ATGGTACAAACTACCAATCCGTCACCTATTTGACTCCAAATATAATTAATATTCACCTT 240
Qy 241 TGAATTAATAATGACTACTTATATTAACAATTCGAATTTAACTATTTATATCTTTTA 300
Db 241 TGAATTAATAATGACTACTTATATTAACAATTCGAATTTAACTATTTATATCTTTTA 300
Qy 301 AAATATCATGCGCTGCAATATTTAATATTAATTTAATTTAATATCATTTATTAACA 360
Db 301 AAATATCATGCGCTGCAATATTTAATATTAATTTAATTTAATATCATTTATTAACA 360
Qy 361 ACCAATACCAACTCATTTAATCATTTAAATCCACCCCAATTTCTACTATCAAAATTTGCTCT 420
Db 361 ACCAATACCAACTCATTTAATCATTTAAATCCACCCCAATTTCTACTATCAAAATTTGCTCT 420
Qy 421 AAACACTACTTAAACAAAGCAAAATTTGAGTCCGAATCGAAGCACCAATCTAATTTA 480
Db 421 AAACACTACTTAAACAAAGCAAAATTTGAGTCCGAATCGAAGCACCAATCTAATTTA 480
Qy 481 GGTGAGCCGCATTTTGAAGAGCACTTCATATGATTTTTTTTCAAGATGAATTTGA 540
Db 481 GGTGAGCCGCATTTTGAAGAGCACTTCATATGATTTTTTTTCAAGATGAATTTGA 540
Qy 541 AATTTAAGATTTAATGTTAAGAAAGTAGTACA -CCGCAATTAATTCATGCTTTTAAAT 599
Db 541 AATTTAAGATTTAATGTTAAGAAAGTAGTACATCCGCAATTAATTCATGCTTTTAAAT 600
Qy 600 ATAATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 659
Db 601 ATAATTAATTAATTAATTTATGATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 660
Qy 660 AAAAAATTAATCTAATTAATGATCAATCAATTAATGAGCG -AGGAATTAATTAAGTGAACA 718
Db 661 TAAATTAATTAATTAATTAATGATCAATCAATTAATGAGCGAAGGAATTAATTAAGTGAACA 720
Qy 719 TAGTGTTAATTAATGATGATGAGGTGTAATTTATTTAATTAATTAATCAATTAAGTTA 778
Db 721 TAGTGTTAATTAATGATGATGAGGTGTAATTTATTTAATTAATTAATCAATTAAGTTA 780
Qy 779 AATTATTAACAATTAATTTGAGCGCGCATGATTTTAAAAATTAATTAATTAAGTTGAATTTA 838
Db 781 AATTATTAACAATTAATTTGAGCGCGCATGATTTTAAAAATTAATTAATTAAGTTGAATTTA 839
Qy 839 AAACCGTTAATTAATTTGATCAATTTTGAACCCCAAAAGTGATGAGAGGGTATTTTGA 898
Db 840 AAACCGTTAATTAATTTGATCAATTTTGAACCCCAAAAGTGATGAGAGGGTATTTTGA 899
Qy 899 CCAATAGGGGGATGAGAGAGATATTTTGAACCAATTAATGATGATGAGAGATTAATTTT 958
Db 900 CCAATAGGGGGATGAGAGAGATATTTTGAACCAATTAATGATGATGAGAGATTAATTTT 959
Qy 959 GTATCATTTCTAATTAATTTAAGATTAATTTAGGTCAATTTCCCTCTTAATGTTATAGAC 1018
Db 960 GTATCATTTCTAATTAATTTAAGATTAATTTAAGGTCAATTTCCCTCTTAATGTTATAGAC 1019
Qy 1019 TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTAATTTCCGCTCTTAATTAATTTTATTTTATTTA 1078
Db 1020 TATAGTGTAGTTCATCGAATATCATCTAATTTCCGCTCTTAATTAATTTTATTTTATTTA 1079
Qy 1079 TAAATTTTAAATAATTAATTTTCCATTTAATTTGATTTGATTTGATTTAATTTTAAA 1138
Db 1080 TAAATTTTAAATAATTAATTTTCCATTTAATTTGATTTGATTTGATTTAATTTTAAA 1139
Qy 1139 AATTACCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1198
Db 1140 AATTACCAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1199

Qy 779 AATTATACAAATATTGAGCGCATGATTTTAAAAATTAATTAATGATTGAAATTGA 838
 Db 781 AATTATACAAATATTGAGCGCATGATTTTAAAAATTAATTAAT-AGTTTGAATTTA 839
 Qy 839 AAACCGTTAGTAAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGATGAAAGGATTTTGAAG 898
 Db 840 AAACCGTTAGTAAATGTCATTTTGAACCCAAAGTGATGAAAGGATTTTGAAG 899
 Qy 899 CCAATAGGGGATGAAAGGATTTTGAAGCCAAATGATGATGAGGATTAATTTT 958
 Db 900 CCAATAGGGGATGAAAGGATTTTGAAGCCAAATGATGATGAGGATTAATTTT 959
 Qy 959 GATCATTTCTAATACCTTAAAGATTTTGAATTTTCCCTCTTAACTTTTATAGAC 1018
 Db 960 GATCATTTCTAATACCTTAAAGATTTTGAATTTTCCCTCTTAACTTTTATAGAC 1019
 Qy 1019 TATAGTGTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1078
 Db 1020 TATAGTGTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1079
 Qy 1079 TAAATTTTAAAAATTAATTTTCCATTTTAACTTTGATGATGATGATGATGAT 1138
 Db 1080 TAAATTTTAAAAATTAATTTTCCATTTTAACTTTGATGATGATGATGATGAT 1139
 Qy 1139 AATTACCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1198
 Db 1140 AATTACCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1199
 Qy 1199 AATTATTCAAAATTAATTTTAAACATCATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1258
 Db 1200 AATTATTCAAAATTAATTTTAAACATCATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1259
 Qy 1259 ACGGGAAGAAAGCAAGCCAGCAAAATGTCGAAATTTCTGCTTAAATATCTCTCA 1318
 Db 1260 ACGGGAAGAAAGCAAGCCAGCAAAATGTCGAAATTTCTGCTTAAATATCTCTCA 1319
 Qy 1319 TCCAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1378
 Db 1320 TCCAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1379
 Qy 1379 TCTAATAATGACAAACCTTCCCATACCTCTTATCATTAATAATAATTAATTTT 1438
 Db 1380 TCTAATAATGACAAACCTTCCCATACCTCTTATCATTAATAATAATTAATTTT 1439
 Qy 1439 AATTGACAAAGTTTAAAAACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1498
 Db 1440 AATTGACAAAGTTTAAAAACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1499
 Qy 1499 TATCTCTCTCATTAATTTTGGCTTCAATTTCAATTTCAATTTGATGAGCAATTT 1558
 Db 1500 TATCTCTCTCATTAATTTTGGCTTCAATTTCAATTTGATGAGCAATTTT 1559
 Qy 1559 TGATGACAAATTTTCAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTTGCTCA 1618
 Db 1560 TGATGACAAATTTTCAACAAAGTTTATGATTAATTTCTTGACAAAGATTTGCTCA 1619
 Qy 1619 TTTTCAAGCTTAATTTCTTATTTGAGCAAAATTAATTAATTAATTAATTTT 1678
 Db 1620 TTTTCAAGCTTAATTTCTTATTTGAGCAAAATTAATTAATTAATTAATTTT 1679
 Qy 1679 GGTGATTAATAATGAGTAAAGTAAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1738
 Db 1680 GGTGATTAATAATGAGTAAAGTAAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1739
 Qy 1739 AAAAAATGATTAATTAATTTGATTAATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTT 1798
 Db 1740 AAAAAATGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTT 1799
 Qy 1799 TGAATGAAATTAATTAATTTTGAAGATTAATTAATTTTGAAGATTAATTAATTT 1858
 Db 1800 TGAATGAAATTAATTAATTTTGAAGATTAATTAATTTTGAAGATTAATTAATTT 1859
 Qy 1859 TTAATTTCTCGTTTATGTA--TTAAGGTGAAATTAATTTCTCGTTAAGCGAAGAA 1916

Db 1860 TTAATTTCTCGTTTATGTAATTAAGTAAATTAATGATTTTCTCGTAAAGCAAGAA 1919
 Qy 1917 CTATTTTCCATGATTAATTTTCTTAAATTAATTAATTAATTAATTTT 1976
 Db 1920 TCAATTTTCCATGATTAATTTTCTTAAATTAATTAATTAATTTT 1978
 Qy 1977 ACTCAAGATTAAGCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 2036
 Db 1979 ACTCAAGATTAAGCACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 2036
 Qy 2037 TTTGCTTAATTAATTAATTAATTTCTTAAATTAATTAATTTT 2096
 Db 2037 TTTGCTTAATTAATTAATTTCTTAAATTAATTAATTTT 2095
 Qy 2097 TAAATCAATTAAGGAGGCTTAAAGATTAATTAATTAATTTT 2156
 Db 2096 TAAATCAATTAAGGAGGCTTAAAGATTAATTAATTAATTTT 2154
 Qy 2157 TAAATTTAGTGAAGAACTCGACAAA 2182
 Db 2155 TAAATTTTAA-TGGAAGAACTCGACAAA 2179

RESULT 6
 A24194
 LOCUS
 DEFINITION U.esculentum polygalacturonase clone pTOME.
 ACCESSION A24194
 VERSION A24194.1 GI:904404
 KEYWORDS
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Bacteria; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 1636)
 REFERENCES
 AUTHORS Bridges, I.G., Grierson, D. and Schuch, W.W.
 TITLE Anti-sense regulation of plant gene expression
 JOURNAL Patent: EP 0532060-A 1 17-MAR-1993;
 IMPERIAL CHEMICAL INDUSTRIES PLC; ZENEOCA LIMITED
 FEATURES
 Location/Qualifiers
 1..1636
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="unassigned DNA"
 /db_xref="taxon:4081"
 51..1424
 /codon_start=1
 /product="polygalacturonase"
 /protein_id="CA01720.1"
 /db_xref="GI:904405"
 /db_xref="GDB:P05117"
 /db_xref="UniProt/Swiss-Prot:P05117"
 /translation="MYIQNSILLLIIFASISITSCSNVIDNLFQVVDNILEOF
 AHFQAVLYSLSKNISNNI DKYDKGIGIVLSPGAGDGDTYNIAPFQAMNA
 CSBRTPOFVPRKNQVILKQITFSGPCRSISVTKRGLSEASKISDYDRLMIWF
 DSVQNVYGGGGRINQGVWPSGCKINSLCPDAPRTLTTCNKLKVNINKSN
 AQQIHIFESCTVAVSNLMTNLSAKSPNTDGVHVSNTQYIQISDTIIGDDCTISV
 SGGQNVQATNITGCPGHGISISLGSNSSAVSNVNTVNAKII GAENGVRIKTVQGS
 SGGQNVQATNITGCPGHGISISLGSNSSAVSNVNTVNAKII GAENGVRIKTVQGS
 VALKPCDSNTFPCGIIIMENINLVGSGKPSSEATCKNVHNNAEHVTPHCTLSISBD
 EALLNVN"
 ORIGIN
 Query Match 6.2%; Score 462; DB 6; Length 1636;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3.6e-45;
 Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTCCACAGTTCAGAGGAAAATGCTGATGAGAAATTAATCAAGGCAAGTGA 6844
 Db 1161 CAGTTTCCACAGTTCAGAGGAAAATGCTGATGAGAAATTAATCAAGGCAAGTGA 1220
 Qy 6845 ACAAGGTGCGCATTAATTTGATTGATTCAGCACAAACTTTCATGTGAAGAAATTATATG 6904

Db 1221 ACAAGGTGSCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTTCCATGTGAGAAATTTATATG 1280
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGAGGGGAAAGTGAAGAAACCTCGAGGCTACGTGCAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGAGGGGAAAGTGAAGAAACCTCGAGGCTACGTGCAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACATCTGACATGTTACACGACACTGACCTGACCTGAAATTTTCAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACATCTGACATGTTACACGACACTGACCTGACCTGAAATTTTCAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
Db 1401 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1460
Qy 7085 TATATCACAATAAACAATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT 7144
Db 1461 TATATCACAATAAACAATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTTGACGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTTGACGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATATATAATGCTATTTATTAATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAAATGTACAAAATATATAATGCTATTTATTAATGA 1622

RESULT 7
LOCUS AR364905 1636 bp DNA linear PAT 03-SEP-2003
DEFINITION Sequence 2 from patent US 5447867.
ACCESSION AR364905
VERSION AR364905.1 GI:34428082
KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 1636)
AUTHORS Bridges, I., Schuch, W. and Grierson, D.
TITLE Recombinant DNA containing pectin esterase gene segments
JOURNAL Patent: US 5447867-A 2 05-SEP-1995;
FEATURES
source
1. 1636
/organism="Unknown"
/mol_type="genomic DNA"

Query Match 6.2%; Score 462; DB 6; Length 1636;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3.6e-45;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 6785 CAGTTTTCACAGTTCAGTGAAGAAATGTGTGTATGAGAAATTCAGAGGCAACAAGTGA 6844
Db 1161 CAGTTTTCACAGTTCAGTGAAGAAATGTGTGTATGAGAAATTCAGAGGCAACAAGTGA 1220
Qy 6845 ACAAGGTGSCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTCCATGTAAGAAATTTATATG 6904
Db 1221 ACAAGGTGSCATTAATTTGATTGACAGCAAACTTCCATGTAAGAAATTTATATG 1280
Qy 6905 GAGAAATTAATTTAGTGAAGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTC 6964
Db 1281 GAGAAATTAATTTAGTGAAGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGGCTACGTGCAAAAATGTC 1340
Qy 6965 CATTTTAACATCTGACATGTTACACGACACTGACCTGACCTGAAATTTTCAGAGAT 7024
Db 1341 CATTTTAACATCTGACATGTTACACGACACTGACCTGACCTGAAATTTTCAGAGAT 1400
Qy 7025 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7084
Db 1401 GAAGCTCTTTGTAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1460
Qy 7085 TATATCACAATAAACAATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT 7144

Db 1461 TATATCACAATAAACAATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAT 1520
Qy 7145 TTGAAGTTTAAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTTGACGATGT 7204
Db 1521 TTGAAGTTTAAATAAGACTACTATGTAATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTTGACGATGT 1580
Qy 7205 ACTTTTAAATGTACAAAATATATAATGCTATTTATTAATGA 7246
Db 1581 ACTTTTAAATGTACAAAATATATAATGCTATTTATTAATGA 1622

RESULT 8
LEPER 1617 bp mRNA linear PLN 12-SEP-1993
LOCUS Tomato mRNA for polygalacturonase (PG, EC 3.2.1.15).
DEFINITION X05656
ACCESSION X05656.1 GI:19297
VERSION X05656.1 GI:19297
KEYWORDS polygalacturonase.
SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE 1 (bases 1 to 1617)
AUTHORS Sheehy, R.E., Pearson, J., Brady, C.J. and Hiatt, W.R.
TITLE Molecular characterization of tomato fruit polygalacturonase
JOURNAL Mol. Gen. Genet. 208, 30-36 (1987)
REFERENCE 2
AUTHORS Rogers, H.J., Allen, R.L., Hamilton, W.D. and Lonsdale, D.M.
TITLE Pollen specific cDNA clones from Zea mays
JOURNAL Biochim. Biophys. Acta 1089 (3), 411-413 (1991)
REFERENCE 3 (bases 1438 to 1438)
AUTHORS Hiatt, W.R.
TITLE Direct Submision
JOURNAL Submitted (06-OCT-1987)
FEATURES
source
1. 1617
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="F1"
47. 1420
/note="unnamed protein product; polygalacturonase (AA 1-457) "
/codon_start=1
/protein_id="CAA29148.1"
/db_xref="GI:19298"
/db_xref="GOA:P05117"
/db_xref="UniProt/Swiss-Prot:P05117"
/translation="MVTQKNSITLLITIPASSISTKRSNVIDNLFKQVYDNLIEQEF
AHDQAYLSTLSKSTSNNSNIDVDKNGIKVINVLFGAAGDKDYDNLAFQDANMEA
CSSTLPVQFVPPKKNKYLILKQITFGSCRSISVKIFGSLSSKISDYKDRLLWAP
DSVQNLVVGAGTINNGGVWSPSSCKINKSLPCRPAPALFPNNCKNKKNNLAKSN
AQQIHIFESCTIVVASNLIMINASAKSPINDGVHNTQYIOISDITIGDDCSIV
SGSONVOATNITCGPGHGISIGLSGNSRAVYSNTVNAEKIAGBNVRKIKTWGG
SGAASNKPLINVMODVKYPIIIDQYCRVPEICQFSAVOVKAVYENIKGTSATK
VAIKPDCSTNFPCEGIMERNINLVSGRSEATCKNVPNNAEHVTPCHTSLSESD
EALLINY"

CDS

old_sequence
/note="c was g in [1]"
msec_feature
/citation=[1]
1465. 1470
/note="pot polyA signal"
1597. 1603
/note="pot polyA signal"
ORIGIN
Query Match 6.2%; Score 461; DB 8; Length 1617;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 4.7e-45;
Matches 461; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

[illegible]

RESULT	9
LOCUS	A15981
DEFINITION	A15981 1621 bp RNA linear PAT 02-MAR-1994
VERSION	A15981
ACCESSION	L.esculentum mRNA for polygalacturonase-2a.
KEYWORDS	A15981.1 GI:490039
SOURCE	.
ORGANISM	Lycopersicon esculentum (tomato)
	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophytes; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon. 1 (bases 1 to 1621) Bridges,I.G., Schuch,W.W. and Grierson,D. Anti-sense regulation of plant gene expression Patent: EP 0271988-A 1 22-JUN-1988; IMPERIAL CHEMICAL INDUSTRIES PLC location/Qualifiers 1..1621 /organism="Lycopersicon esculentum" /mol_type="unassigned RNA" /strain="Alisa Craig" /db_xref="taxon:4081" /clone="PTOM 6" /tissue_type="fruit" /dev_stage="fruit ripe" 51..1424 /codon_start=1 /product="polygalacturonase-2a" /protein_id="CA01256.1" /db_xref="GI:490040" /db_xref="GOA:P05117" /db_xref="UniProt/Swiss-Prot:P05117" /translation="MVIGRNSILLLIIIFASISSTCSNVIDMLFKQVNDIIEOE AHDPDAYSLYSKNIENNNIDYKNGIKYIVNLSPFAGKGXTYDIAEQAMNEAK CSSSTPQVFVPKRNKYVLKOITSGPCRSLSVKISPELSASKISDYKDRPLMTAK DSVNLYVGGGGTINGNQWPPSSCKINKSLPCRDPAFTLTFRNCRLAKYNLKSRK AQQIHKESTCTNVASMLTMNASAKSPNTQYVHVSNTQYIQISDTLIIGTDDICISV GSGNVAVATNTCGHGISTGSIGNSESAHYVSNVTANEKIIGAENGVAIVTMOGG

```

mat_peptide
misc_feature
misc_feature
misc_feature
misc_feature
misc_feature
misc_feature
polya_site

/producr="polygalacturonase-2a"
615. .623
/note="poc. N-glycosylation site"
768. .776
/note="poc. N-glycosylation site"
906. .914
/note="poc. N-glycosylation site"
981. .989
/note="poc. N-glycosylation site"
1598. .1606
/note="poc. polyA signal"
1621
/note="polyA site"

```

Query Match	6.2% Score 461; DB 6; Length 1621;
Best Local Similarity	100.0%; Pred. No. 4,7e+45;
Matches 461; Conservative	0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
Qy 6785	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAATAAAAGTGGTGTATGAGATATCAAGGGCACAGTGCA 6844
Db 1161	CAGTTTTCAGCAGTTCAAGTGAATAAAAGTGGTGTATGAGATATCAAGGGCACAGTGCA 1220
Qy 6845	ACAAAGGTGGCCATAAATTGTTGATTCGACGACAAACTTTCCATGTGAAGGATTTATATG 6904
Db 1221	ACAAAGGTGGCCATAAATTGTTGATTCGACGACAAACTTTCCATGTGAAGGATTTATATG 1280
Qy 6905	GAGAAATTAATTAATTAGTAGGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGTAGTGCATAAAATGTC 6964
Db 1281	GAGAAATTAATTAATTAGTAGGGGAAAGTGGAAACCATCAGAGGTAGTGCATAAAATGTC 1340
Qy 6965	CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACACCTGCACCTCCTCAGAAATTTTCAGAGAT 7024
Db 1341	CATTTTAACAATGCTGAACATGTTACACACCTGCACCTCCTCAGAAATTTTCAGAGAT 1400
Qy 7025	GAAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTTATACCTATAGATCTTCAATATATAGCAGATATGA 7084
Db 1401	GAAAGCTCTTTGTATTAATTTATTAATTTATACCTATAGATCTTCAATATATAGCAGATATGA 1460
Qy 7085	TATATCACAATTAACAATCTATATCTATGTATTTGAATATATATATATATATATATGACGA 7144
Db 1461	TATATCACAATTAACAATCTATATCTATGTATTTGAATATATATATATATATATATGACGA 1520
Qy 7145	TTGAAAGTTTAATTAAGCTACTATGTATTTCTATTTCTATGTCAAAAGTTTGACAGATTGT 7204
Db 1521	TTGAAAGTTTAATTAAGCTACTATGTATTTCTATTTCTATGTCAAAAGTTTGACAGATTGT 1580
Qy 7205	ACTTTTAAATGTACAAATAATTAATTAATGTTATTTATATG 7245
Db 1581	ACTTTTAAATGTACAAATAATTAATTAATGTTATTTATATG 1621
RESULT 10	
AX062336	1621 bp DNA linear PAT 24-JAN-2002
LOCUS	AX062336
DEFINITION	Sequence 1 from Patent W00078982.
ACCESSION	AX062336
VERSION	AX062336.1 GI:12540229
KEYWORDS	
SOURCE	synthetic construct
ORGANISM	other sequences; artificial sequences.
REFERENCE	1
AUTHORS	Christensen, T.M. and Kreiberg, J.D.
TITLE	Process for the enzymatic modification of pectin
JOURNAL	Patent: WO 0078982-A 1 28-DEC-2000;
FEATURES	DANISCO A/S (DK)
source	Location/Qualifiers
	1..1621

FEATURES

Source

ORIGIN

Query Match
Best Local
Matches 328

2

Qy	2076	TTCAACCAAAATPACAAAGCGTAATCCATAAGTGGCGCTCTGAGTAATAAGTAAGTCT	2135
Dp	2118	AAATTTAAATTAATTTTATTTATTTATTTAAATTAATAA---ATATAAAAAAAAAAAATAT	2173
Qy	2136	TATTCATATTCCTAACCTTAATTTAATTTTATGTGAAACCTCGACAAAACGAACAACGTA	2195
Dp	2174	AAATTTTATTAATAAATTTTAAAAAATGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATTTAATTT	2233
Qy	2196	TTCAAACTTTTATATTCGGAATTCGAGAACAAACATATGAACAACTCACAATGATAT	2255
Dp	2234	TAAATAAAAATTTAATTTTAAATATTTAAATTAATTAATAAATAAATAAATTTAATTTTAAATTT	2293
Qy	2256	AGTCCATATATATTAATTTTCTTAAAAATATCTCAATCAGATATGTGAATATTTGA	2315
Dp	2294	ATTTATTTTAAAAATTAATTTATTAATTTTGTATTTAAATTAATAATTTTAAATTTTAA	2353
Qy	2316	AAAAATGACTTATTCCTATCGAACACATATCAAGAGTTCTTTTAAGAAATTTCCACTA	2375
Dp	2354	ATATATATTTTATTTTATTAATAATTTATTTAAATTTTATTAATTTTGTAAAAATTA	2413
Qy	2376	CATTGGATGCTTCTATCGGTAAATTAATCTTTGAGCACTTGGACATTTGACAAAGATGGA	2435
Dp	2414	AAAAAATATTAATTTAT--TTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTATTAATTAATATTT	2471
Qy	2436	TGAAGCATGTTCACTAGAACACCTGTTCAAATTTGGTCTCTAAAAACAGAAATATCT	2495
Dp	2472	TTTATATATTTGTTTTAAATA--ATTAATAATTTAATGAAAAATTAATAAATAATTAAT	2528
Qy	2496	TCTCAGAAATCACTTTGAGGTCAGAGATCTCTATTTCAATTAAGTAAGTATGAT	2555
Dp	2539	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2588
Qy	2556	ATTGATTAATTAATATCCCTTTGTTAGCAATATAATATCGTTTATGACAAATTTAAG	2615
Dp	2589	ATTAATGAAAAAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2648
Qy	2616	AAAGTAAATCAAGATAGATAAACAATGATTTTGCTCAATATTTAGCGGATATGAGG	2675
Dp	2649	TTAAATTTTAAATTTTAAAAATTAATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	2708
Qy	2676	AAATATCAAAATGTATGTAGCTATGAGCAACTAGATAGATTAAGTCTGTGAAGAG	2735
Dp	2709	TTTTTTAAATA-----AAATATTTGTTAAATTAATTAATTAATA 2749	
Qy	2736	TTTGATGCTAATTCATATTTTGTGTGTGAGATGAAGATTTTGAACAACATGATTT--A	2793
Dp	2750	AAATAAAAAAATTTATTTATTTGTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTGTTATTTAA	2809
Qy	2794	ATTAATTAATTAATGTCTTAATTAATTAATGTCAATGATAGTCAAACTTAAGACTGTCAAA	2853
Dp	2810	ATTGTTATTAATTAATTAATTAATGATATTTTATTAATAATTAATTAATTTGAATTAATTTTA	2869
Qy	2854	AGAAATTAAGAAAGAAATTTATTTTAAATAATTAATTAATAAAGAAAAATATGGAATA	2913
Dp	2870	TGAAAAAAATTTTGTGAAAAAAATTAATAATTTTGAAATATGAAAAAAATATGTTAAATTT	2929
Qy	2914	AAATCAAAAGCAGAAAGTATTAACATATCTATNGGGATTAAGAAGTATTAATATGTGAG	2973
Dp	2930	TTATGAATATGAAATTTTAAATGATATTTATTTGTAAAAAATAAATAAATAAATTAATTTGA	2989
Qy	2974	AAAAACAGACTACATATCTAATTAATAGCTCATTAATGATATTAATAAATAATAGTGTGTA	3033
Dp	2990	AAAAATGATATATTTTAAATGATGATGTTTAAATTTTAATTAATTAATTAATAAATAATTA	3049
Qy	3034	GCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTTGTGGGGTGAATCGATCCAGAGTTGTTCCAGA	3093
Dp	3050	ATTAATATGTAAT-----AATTTGAAATGAATTTGAATTTATGTTATTTTAAATGTG	3099
Qy	3094	CTCTGCTTAATAAATAATGTTTTTCTAATAATAGTTTGAAGAAATGTTAATGATGAAA	3153
Dp	3100	TAAATTTATTAATAAATAATTAATTTTAAATGAAATTTTAATGATTTGAAAAAATTTGTTT	3159
Qy	3154	ATATGAAGAAAAACATATCAATTAATTAATAATTAATTAAGTAAATCAAGTAAACGAATTAAC	3213

Db	3160	ATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATATATATTTTGTGTTGATTTGTAATATGTAATATA	3219
Qy	3214	AATAGATATATATCTCATTAATGAAAAATTTAGTGGCTTTTGGTTAACAATATCTTAGTTT	3273
Db	3220	AATTTATATATATATATATTTTTTTAAATATGATATATATTTTAAATTTAATTTGATATG	3279
Qy	3274	ATTCAATGTTTCTTTAATTTCCCTTCTTATTTTGTGAAATTAATACTAATGCAATTTTGTG	3333
Db	3280	TAAAAAAATTTTGTATATGTTGTATTTTGTGAAAAAAAATATATATATTTGTA	3339
Qy	3334	GATCCTTAGAAGCATCTAGTAAATTTCAAGCTACAAAGATAGAAAGGCTTTGATGCT	3392
Db	3340	TGTAAAAAAATGAATATAAATTTGAAATGATGATTTAAAAAATGAAATTAATATATA	3399
Qy	3393	-TTTGATATAGTTGCMAAATTTAGTTGTGTGAGAGAGAGAACTATCAATGGCAATGACA	3451
Db	3400	ATTGGAATTTTTTTAAATATTTTGTGTAATATGTTGAAAAATTAATATTTGTTTATATTT	3459
Qy	3452	AGATATGTTGGCAAGTTCTTGCAAAATTAATTAATCACTGTAATTTTATTAACCTTGCTT	3511
Db	3460	ATTATATATAAATATTTTGTGTGTGTAATAAAATATGATTAATATGAAATGTATAT	3519
Qy	3512	ATATGTTTACGCTATGTTGCTGCAATCTT-TAACTGTTCTAAAGATATATATATTT	3570
Db	3520	TGAAATATATATTTTATTAATAAATTAAGTTAAAAAATATGTTGTGAAAAATATAT	3579
Qy	3571	TGAAGAGAGTGTCAAAATGATCACATTTTATAGAGATTCGACCAATATATAGTTTATG	3630
Db	3580	AAAAATGAAATATATAAATGAAAAATATTTTAAATTTAAAAAAATTTTAAATATGAAATTT	3639
Qy	3631	TAAATCTAATTTTACAGACATCTTGCTGTACTGATCATGTTTACCCTTTTCTTCA	3690
Db	3640	TAAATGATATGTAATATATATATGTTTATTAATTTTGTGTAATTTTATTAATAATATTTT	3699
Qy	3691	TGCAGCATGAGGAGATGCACCAACGGTACGTATTTGCATTTGATTTGATTAATAAAAA	3750
Db	3700	AAAAATGATTAATATATTTAATAAAAAATTAATAAAAAATATTTTATATTTTATTAAT	3759
Qy	3751	AAGCCTAAAAATATTTGAATTTTAAATTTGA-----AAGGTTATATATATCTT--AACT	3802
Db	3760	AATTTTATATTTTGAATATGATTTAATAATTAATGTTTAAATATTTGTTGAATTT	3819
Qy	3803	TTGGGCAAGACCTATTAACCCCTTGCACATTTTAATAGTATTTTAAAGATATTAAGTG	3862
Db	3820	TTGTTTTTTTGAATTTGAAATGTAAATTTGAAAAATTTGATTTTGTAAATGATTAATAA	3879
Qy	3863	TTTATGTTGAACAATA-----ATTAGATTTCAAAAACTATTTGAAATTAATAATTT	3918
Db	3880	TTGAAATTTGATTTTAAATGTTTAAAAAATTTGTGAAAAATATATATTAATAATTAATTT	3939
Qy	3919	GCAATTTTGTGCAATCAATATGATTAATAAATAATTTAGTTTAAAGTTCTTATGATTTGAT	3978
Db	3940	ATTAAAAATTTAAATTAATAATTTTAATGTTTATTAATAAAAAAATGAAAAATGTTTAA	3999
Qy	3979	TCTAAAAATAAAAATCATGACAAACAATAGTAGACGAGAAATATATTAACAATACCTCT	4038
Db	4000	TGAAAAATGATATATTAATTTTGTGTTGTGTGAATTTTGTGTAATGATATTTTAT	4059
Qy	4039	TCAATGATGATCGATTTGTACACACACTCAAAACCTACGTTTCTTGATTTATATTTTC	4098
Db	4060	TTGTGTTTAAATGTTTTTAAATTTTGTGATATGTAATTTTAAATTTTATTTT	4119
Qy	4099	CTATTTCTTTAAATAGTAATCAAAAGGCAATAGTCTGTCAAA-----ATCTATACATGG	4154
Db	4120	TTATATGTTTGTTTTATATTTTAAATATATATTTTGTATTAATTTTATTAATATTTT	4179
Qy	4155	AAACTCTATCTTTCAGCCTCTGATCATTTGAGATCGTTGGAACAATGATGATATTT--	4211
Db	4180	TTTTTTTTTTTGTGATTAATAATTAATGAATTAATTTGGAATTTTAATATTTTAT	4239
Qy	4212	-ATTTAATTTGATTTAAATATTAATATATTTGTTAATTTTCAGGCTTAACT	4269

```

Db      4240 AAAAAAAAAAATTAATAAATAAATAATTTTTTTTGTATTTAATATGAAA 4299
Qy      4270 TCTGAATTCGAAAAATTTGAAAGGATATCTAAAGAGTAAAAATGCAACAAATTC 4329
Db      4300 TATATATATGTTAAAAATTTGTATGATATTTTTTTTGAATATATTTTATTAATAA 4359
Qy      4330 ATATCAATTTGAGTCATGCACTATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCAATGCTCG 4389
Db      4360 TAAATATTTTAAATGTTTAAATTTGTTTTTGTATTTTTTTTGTATTTGAAATG 4419
Qy      4390 CAAAGAGCCCAATACGATGAGAGTCCATGATCAAAATCTCAATATATCAAAATCTG 4449
Db      4420 AAAATATTTGAA-----AATGATGTGATAAAAAAATTAATAATATGAAATTTG 4473
Qy      4450 ATACTATATTTGAAACAGTTTATTTATTTAATTTTATTTATCCAAATTTATGAAA 4509
Db      4474 TTTTATTTTATTTTAAATATGATTAATAAAAAATGAAATATATTTTGTATTTT 4533
Qy      4510 AAAAAAGATATTTTATTTGATTAATAATTTAATTTTAAATTTTATTTTATAGTG 4569
Db      4534 TTTTATTTATGTTATTTATATATATGTTTATATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 4593
Qy      4570 ATGATGTATTTCAATGTTTTCGATCTCAAAATGTCAGCCCAAAATATCTGTG 4629
Db      4594 ATTTATATTTTAAAAAATTAATTAATTTTAAAAAATTAATAATGTTATGAA 4653
Qy      4630 GTCCAGTCATGATTAAGTACTATTTTACAAATATCTGTTCCATTTCTCAT 4689
Db      4654 ATGTGTGATAAATTAATGAAATGAAATGTTGTATATTTGTTTGTATTTAAAT 4713
Qy      4690 TTCAATAAAGTAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4749
Db      4714 ATGATTAATTTGA--ATTTAATTTTATTTTGAATAATGAAATTAATTAATTA 4771
Qy      4750 ATTTTCTCTGCTTTATGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4809
Db      4772 ATGATTTATTTATTAATGATATGATGATTTTTTTTAAAAATTTAAAAATTA 4831
Qy      4810 GGAATTAAGAAGCTTTAAAAAGTACTTTAAAAAGTTGAACTTATTTTAAAAAT 4869
Db      4832 ATTTTATTTATTTGTAATAATTTTGTATTTTAAAAATTTAAAAATTAATTA 4891
Qy      4870 AGCACTTATCGGTTGATTAAGTGAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 4929
Db      4892 ATAAATTAATAATTTGATTTGATTAATAATTTGATTAATAATTTAAAAAT 4951
Qy      4930 ATGAAGAATAAATTTGAGGTTATATGAGTTATTTGATTAATAATTTAACACA 4986
Db      4952 TTTGAAAAAATTAATTTGAAAAATTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT 5011
Qy      4987 -AAAAATTAATAATGTCATCTTAACAACTTAACCTTAACCTTAACCTTAAC 5045
Db      5012 TAAATAATTAATTAATTTGATTTAATAATTTTATTTTGAATAATAATTA 5071
Qy      5046 TTTTAACTTTTGGCTTAAATTAAGTTTTTTTTTTTAAAACTTAAATTAAGTTT 5105
Db      5072 ATAAATGTAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5131
Qy      5106 TATTCGCAAGAGCTTAATAATGCAAAACACCTTTTAAGTCAGTTTGAACAGCTT 5165
Db      5132 ATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5191
Qy      5166 AGCTGAGCCCAACAGGCTTAAATGTCGTATGATGCTATATATATTTGAGCTT 5225
Db      5192 TTTGAAAAAATTTAATATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5251
Qy      5226 TTTTGAAGTAGTATTAATCTTAAGTCAACATAAT-----ACATGC 5270
Db      5252 AATAATGATGAAAAATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5311
Qy      5271 TTTTACATGACATATAGTATCAAAAGACGAATGATGAATTTTGGCAATTTGA 5330
Db      5312 TGTTTTAAATGAAATTAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5371

```

```

Qy      5331 TTAATCAGAAAAAGGATAGTTCAAAGTGTACAT-----TCAATGATTAAGATA 5384
Db      5372 ATTTGTAATAATGATGAAAAATTAATGAAATGTTATTTAAAAAATTAATGAAAA 5431
Qy      5385 TCAATAAGACTAAATTAAGAAATCAATTAATGAGGATCAAAATGTTATTAAT 5444
Db      5432 TTAATAATGAAATTTTATTTTATTTGTTTGAATTTTTTTTTTAAAGTTGATGAT 5491
Qy      5445 TAAATCTATTCATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGAGTTTATTAATTA 5504
Db      5492 TTTATTTGTTGATTTTATTTATTTATTAATGATTTGTTGTTTTTTTATTTTAT 5551
Qy      5505 AACATGCAATTAATTTATGCAAAATGAGT-----TGGTACTTAATCTTTGAT 5560
Db      5552 AAAATTTATTAATGATTAATAATAATTTGAAAAATGATTTTATTAATTAATGAT 5611
Qy      5561 ATTTGCTCATTTTTTCTTTTATTTTCCATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 5620
Db      5612 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAATTTTAAAAATTTTATTTTGAATAA 5671
Qy      5621 GGAATTCAGAGC-----TTATGTCATATGTTACTGTAATGAACCAAT 5670
Db      5672 AAAAAATTAATAATGATGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5731
Qy      5671 TATCGTGCCGAATAATGAGTATGATCAAGATTTGGCAG--GTACCCCTCCCTCC 5728
Db      5732 TTTTATTTGTTAAATTTTGTATTAATAATAATTTGATTAATAATAATAATA 5791
Qy      5729 CCCCCCAGAGCCATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTA 5788
Db      5792 ATTTTATTTTATTTTATTTTATGTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTA 5851
Qy      5789 AAGATTAATTTGATTCATGTTGAATTTTATTTGATTAAGATGATTTTAACTAG 5848
Db      5852 AAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5911
Qy      5849 TTTTATGTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5908
Db      5912 TTTTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5971
Qy      5909 TGTAAATGTTGCTTTGTTAGAAATTTGTTATGATGATGATGATGATGATGAT 5968
Db      5972 TTTTATTTTATTTTAAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 6031
Qy      5969 AAATTAATAATAATAAGGCTGCAACGCCGCCACTAGTCTAGTATCAATAG---- 6024
Db      6032 ATAAATGATTTTATTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6091
Qy      6025 --GAAGTCTCAGCTGTTTATTCAGATGACGTTCTGTGTTAATGTTAATTA 6081
Db      6092 ATGAAATATGATTAATGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 6151
Qy      6082 AAATTTAATTAACATGTAATTAAGATTAATAATAATAATAATAATAATAATA 6141
Db      6152 TGTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6211
Qy      6142 GATCTGAGACAGCTGCAACATCAATTTTCAATGCGAAATGCAAGCTTAATTA 6201
Db      6212 AAAAAATTTAATAATGTTGTTTAAATGTAATAATAATAATAATAATAATAATA 6271
Qy      6202 CCATTAATTAAGACCAAACTAT--TGTATGAGTGAACCATGATTAACAGAGTAT 6260
Db      6272 TAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6331
Qy      6261 TTTTATTAACGAACAATTTATTTATTTTATTTATTTTATTTATTTATTTATTT 6320
Db      6332 TATGTAATTTTAAAAATGTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6387
Qy      6321 AACTTGAATCTTTTCACTAGTATTAATTTTGAATGATTTTATTAATTAATTA 6380
Db      6388 ATTAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6447

```

```
Qy 6381 TCATTATTCCTTTATTTTCTCTAAATTATGATCTTTTGAAGTATGCTA--+-+ 6434
Dy 6448 AATTTTATTTATTTATTTAAATTAATATGTTTTTTTATTTTGTATTTTAAA 6507
Qy 6435 -----AAATCTTGTAAAGTAACTGAATATCATAGAAAAAGTTAGATTATAT 6487
Dy 6508 TTTTGTAAATTTGTATGAAAAATGTTTTTAAATTTTAAAAATATATTTATTTT 6567
Qy 6488 CTAAATTTTATTAATATATAGACGTATTAATTTTGTATGATAGATGAAAAA 6547
Dy 6568 AAAATTTAAATTTAAATGAAAAAAATATATTTTATTTATTAATTTATTTATTTGTT 6627
Qy 6548 TATACATAAACATTAGATTCAAATTTATATATATCTAAATATTTGATTCATCAATCA 6607
Dy 6628 TTATTTTAAAGTTTATATAGAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAAATTA 6687
Qy 6608 TGACTACACAAAGCATATGATGCAAGTTCTCAACATATAGATGAGTCAATTCAAAACG 6667
Dy 6688 ATTTTATTTTATTTTATTAATGTTGATTTATATATATTTTGAATTTGAAATTTAAAAA 6747
Qy 6668 AATCAAAATATAGTATATCTTAAAGAGCATTTGCGTAAATATAGTAAATATCA 6727
Dy 6748 AATTTAAATATTTAAATGAAAAAAATATTAATAAAATTTAAATTTGAAATTTGAAATTT 6807
Qy 6728 TTTAAGTTATAAAAAAATTTCTACTCGATCTCTGACGATTTATTTAATCACTTTGTCAG 6787
Dy 6808 GAATTTTATTAATAAAATTTAAATTAATAATTTATTAATTTGATTTGAAAAATTTATATA 6867
Qy 6788 TTTTACAGAGTTCAAGTAAAAATGCGTGTATGAGAAATATCAAGGCAAGTGCACA 6847
Dy 6868 TTTTATTAATAAAATTTGTTAAATTTTATTTTATTTTGAATA-----AATGGAATTTT 6919
Qy 6848 AAGTGGCATTAATTTGATTTGATGAGCAAACTTTCATGCTGAAGATTTATATAGAG 6907
Dy 6920 AATTTTATTTTAAATTTTATTTT-----TTTATTTATTAATAAAATATATATATA 6970
Qy 6908 AATTAATTAATTTAGTGGGAAAGTGAATAAACATCAGAGCTGACGCAAAATGTCAT 6967
Dy 6971 TATTAATAATTTATTTGATTTTAAATTTAAATAAAATTTATTTTGTATTTT 7030
Qy 6968 TTTTAACAATGCTGAACATGTTTACACACATGCACTTCACTAGAAATTTCAAGAGATGAA 7027
Dy 7031 TTTTAAAAAAATTTAAATTTTAAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 7090
Qy 7028 GCTCTTTGTATATTTTAAATTTATATCTATAGATCTTCAATATATAGAGATGATAT 7087
Dy 7091 TTTAATTTATTAATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTAAATAATATATATATATAT 7150
Qy 7088 ATCAATTAATAACAATCTATATCTATGATTTGAATTTATTTAATATATGACGATG 7147
Dy 7151 GTAAATGTATATTTATTTATTTATGTTTGTATTTATTTAATTTAATTTTATATA 7210
Qy 7148 AAGTTTAAATAGACTATATGATTTCTATTTTCTAGTCAAAAGTTTACAGATTTACT 7207
Dy 7211 TAAATTTTATTTTATTTTAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTTATTTTGAAT 7270
Qy 7208 TTTTAAAGTCAAAAATTAATAATGTTATTTATATAGATATATATCTTTGGATAT 7267
Dy 7271 TTTTATTTTATTTATTTTATTTATGATATTAATAAAATATTTTATTTTATTTTAAAT 7330
Qy 7268 TCTGTGTAAGTATATGCTATTTTAAATATCTATTTATCTGTG-----AATGAT 7319
Dy 7331 TTTTATTTTAAATAATTTTAAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAAAAA 7390
Qy 7320 GTATTTGTAAATGATATATATATCTTTCATGATGATATATAGATTAATAATATTTT 7379
Dy 7391 AATAATTTGAAAAAAATATGATATATATATATATATATTTTAAATTAATATATAT 7450
Qy 7380 CGCTATATCTTTGATATATATGATATTTTATTTTGTATTTTATTTTAAAT 7434
Dy 7451 TGTAAATTTATATTTTATATGTTTAAATTTTAAATTAATATATATATTTTAAAT 7505
```

```
RESULT 15
AX599046/c 8056 bp DNA linear PAT 14-FEB-2003
LOCUS
DEFINITION Sequence 386 from Patent WO02077272.
ACCESSION AX599046
VERSION AX599046.1 GI:28399186
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
other sequences/ artificial sequences.
REFERENCE
1
AUTHORS
Berlin,K., Braun,A., Discler,J., Gnetis,D., Howe,A., Mueller,J.,
Olek,A., Piepiedbrock,C., Adorjan,P., Grabs,G., Lesche,R., Leu,E.,
Lewin,A., Lipscher,E., Maier,S., Model,F., Mueller,V., Otto,T.,
Pellet,C. and Ziebach,H.
TITLE
Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
JOURNAL
Patent: WO 02077272-A 386 03-OCT-2002;
EpiGenomics AG (DE)
FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..8056
/organism="synthetic construct"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:32630"
/notes="chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)"
ORIGIN
Query Match 4.4%; Score 328.8; DB 6; Length 8056;
Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 8.8e-30;
Matches 3275; Conservative 0; Mismatches 4092; Indels 161; Gaps 33;
Qy 6 TCTTAAAGGCAATGATTTAATTTGAGTCAAAATTAATTTATATACATGCTA--A 63
Dy 7807 TTTTAAATTAATCTATTTATTTTTCATTTAAATTTTATTTTCAAAATTTTATTT 7748
Qy 64 AGCACTTAAGAAACCATAGTTTGAAGTTTACCAATGCGCTATATATATCAACTGA 123
Dy 7747 TTAATTTTATTTATTTTCAATTTTCAATTAATATTTAAACAATATTTTATATTAAT 7688
Qy 124 TAATATTAATAAAATTTCAATTTGAAAGGCGCTAAATATTTTCGAAGATTTGAAATG 183
Dy 7687 AAAAAATATTTTATTTTATTTTCTAAATTTAAACAATATTTATTTAAAAAANAAC 7628
Qy 184 GTACAAATACCATCGGTCACCTATGACTCCAAATTAATATTTATTCACCTTTGA 243
Dy 7627 AAAAAAATTAACATTTTATATTAATTTATATTAACATTAATTTTTCACATTTAC 7568
Qy 244 GTTAAATATGACTACT-----TATATACAAATCTTAATTTTAACTTTTACTTT 298
Dy 7567 AATTAATAATTTAAATAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATATATATC 7508
Qy 299 TAAATAATACATGGCGTTCAATTTTATATTAATTTATTTATTTATGATATCATTTATAAC 358
Dy 7507 AAATTTAAATATTTATTTATTTTATTTTAAATTTTAAACATTTAAATTTTAAACAAAT 7448
Qy 359 CA-ACCACTACCAACTATTAATCATTTAATCCACCAATTCATCTATCAAAATGTT 417
Dy 7447 AATTAATTTATTTTAAATTAATATATTTATATATATATATTTTATTTTCAATTTATTT 7388
Qy 418 CTTAAACATCTAATAAACAAGCAAAATGTTGAGTCCGAATCGAAGCAACATCTAAT 477
Dy 7387 TTTTATTTAAATAATTAATAAATAAATAAATAATTTATTTAAATAATTTTAAATAAATAAT 7328
Qy 478 TTAGTTGAGCCGCGATTTTGAAGACACTTTCAATAGTATTTTTCGAAGCATGAAAT 537
Dy 7327 TAAATAATTAATAAATAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAAATAAATAAT 7268
Qy 538 TGAATTTAATATATATGTAAGAGAGTATACCCGGAATTAATGATGCTTTTAA 597
Dy 7267 TCAAAAAAATATATATATATATTTAAATTAATTTATTTTAAATAAATAATTAATTAAT 7208
Qy 598 ATATATTTATATTAATTTATTTATGATTTGTTTAAATTTA-AAACTGAATATATTTATTT 656
```


[illegible]

QY	1722	GAAGCTAAGGGTGATGAGAAAAACATATGATATTAATTTGAATATTTAAATATTTGAATAT	1781
Db	6076	TTCAATTTCAAAATTAATTAATTTTATAAATATTAATAATTCATTTATTAATTAATTAATTA	6011
QY	1782	ATTGTGGGAGTAAATATGATATAGAAATATATAGAAATTTATTTGGAGATGAAAGTTATA	1841
Db	6016	CAAAAAATTAATTAATAAAAAAATTTAAAAAATAAT-AAAAAATAATTAATAAC	5955
QY	1842	TTTATTAAGTAAAAATTAATTTCTGGTTTATGATTAAGTGAAATGAGTTCTCG	1901
Db	5958	ACACATATTAATTTATACAAATTTTTTTTATTTATTTATTAATTTTAAAAATATTTCA	5899
QY	1902	TTAAGCGAGAAAGCATTTTCCATGATGATCTGATTTTTTTTTTACCTTTAATACGT	1961
Db	5898	ATTATTCATTAATTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATTAATAACAT	5839
QY	1962	CATAGTATTTGCTATACTCAAGATTAAGACCTTTATTTATGATTTAGTGCTCGAAA	2021
Db	5838	TTTTCAAAATTTTAAATTAATAAACAATTAATAAAAAAATTTTTTTTCATTTA	5779
QY	2022	GAATATGATGTAATTTTGCTTAATTAATATATCAATTTCTTAATGATATTTTTCAC	2081
Db	5778	TTTTCAATTAATCAATTTTATTAATAACAA- -AAATTAACAATTAATAAATTTTCAA	5723
QY	2082	CAAAATTAACAAGCGTATCCAAATTAAGGGGCGCTCAATAATTAAGATGATGTTCTATCA	2141
Db	5722	TTATATTAATTCACAAAT- -CATTAATCAATTAATTTCAATCAATTTTAAATTTTTTTT	5668
QY	2142	ATTCTTAACCTTAATTTAATTTTATGTAAGAACTCGACAAAACGAAACGATTCATA	2201
Db	5667	ATTTCAAAAAATTAATTAATTTTAAAAATTTTAAACAAAAAATAAATCAAAAAAATTC	5608
QY	2202	CTTTTATTTGGAATTTGAGACCAACATATGAAACAACCTGACACATGATATAGTCT	2261
Db	5607	ACATTAATTAATTAATTAATTTTCAAAATTTTATTTAATTTCA- TTAATAATTTTAAAT	5549
QY	2262	AATATATTAATTTTCTTAATAAATAATCTTCATCTACATTAATGAAATTTGAAAAATG	2321
Db	5548	AAAAAATTAATAAAAAAACAACAACATCAATTAATAATTAATAAATAATCAAAATTAAT	5489
QY	2322	ACTTTATCTTAATGACACATATCAAGATTTCTTTAAGATTTTACCATCAATTTG	2381
Db	5488	ACATTTACAACTTTTAAATAAAAAAATTAACAATAATTAATAAATTTCAATTTTAATTT	5429
QY	2382	GTAATGTTCTTAATCGTGTAAATTAATCTTTCAGGCAATTTGACACAGATGAAATGAGC	2441
Db	5428	AAATTTTTCATTAATTTTAAATTAACAATTCATTAATTTTATCAATTTTACAAAATTTT	5369
QY	2442	AAATGATCTGAACACCTGTTCAATTTGGGTTCTTAATAACAAGATTAATCTTCTCA	2501
Db	5368	ATTATTAATAACAA- - -ACAAATTAATTAATTAATAAATAATTAATTAATTCATTA	5317
QY	2502	GCAAATCACTTTTCAGGTCACAGATCTTCTAATTTAGTAAGTAAGTTAGATTTGAT	2561
Db	5316	AAACGCAATTTTTCACACAAAAAATTAATTTATTTAATTAATAATTTTTCATCA	5257
QY	2562	TATTTAATATCTCTTTGTAGCAATTAATCTGGTTTATGACAAAAATTAAGAAATTA	2621
Db	5256	TTATTAATAATTCATTTTAAAAAATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT	5197
QY	2622	ATCAAAATATGATTAACAATGAATTTTGCTACTAATTTAAGGATTAAGTGAAGATTTAT	2681
Db	5196	TCAAAAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT	5137
QY	2682	CAAAATGTTATGTTAGCTATGACAACTTACGATTAATGCTAGTGAAGAGATTGAT	2741
Db	5136	TTAATTAATTTTAAAAATTAATCAAAATTAATTAATAATAATTTTTTTTTTAATTTAC	5077
QY	2742	GCATTAATCTAATTTTTTTTGTAGATTAAGATATTGAAACAATGATTAATTAATTA	2801
Db	5076	ATTATTAATTAATTTTTCAAA- ATAAAAATTAATTTTAAATTAATTAATCAAAATTAATTAAT	5018

Db	2869	TAAATATATTTCAATTTTTTAATTTTTTAATAAAAAAATCATTTATTTATTAATCAAT	2810
Qy	4985	CAAAAGATAAAAATGGTGCACTTAACCACTTAATGAAGCTACCTGACCCGAC	5044
Db	2809	TTTAAATTAACAAAATTCATTTAAATTTATTAATTAATTAACATTAATTTTTTTAAT	2750
Qy	5045	CTTTTACCTTTGGCTTAATAATAGTTTTTTTTTTTAAACTTAATAATGTTGTTGA	5104
Db	2749	TTTATTTATATATTTATTTTAAACAATTAATTTTTTAAAAAAAATTAATTAATTAAA	2690
Qy	5105	GTAATGCCAAGAGCTAAATTAATGCAAAAACGACTTTTAAGTCAGTTTACGACGCTTT	5164
Db	2689	AAAATTTAAAAAATTTATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAACATTTTTTTTATTTTT	2630
Qy	5165	AAGCTGACCAACAGCGCTTAATAATGCTGCTAGATGCTATATATATTTGAGCTT	5224
Db	2629	TTTTTTAATTTATTTATTAATTAATATTTTTTTTTTCAATTTATTTTATTTTAAAAAT	2570
Qy	5225	TTTTTGAAGTAGT--ATATATCTTAAGTTCAACATAAAAAATACATGCTTTACATAC	5281
Db	2569	TTATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	2510
Qy	5282	ACATATATGTTAATCAAAAGCAGAAATGATGATTAATTTTGGCAATTTGATTTATTCAGA	5341
Db	2509	TCAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAACA--AAATTAATAAAAATATATTAATTAATA	2451
Qy	5342	AAAAGGATAGTTCAAGTGTCATTTCAATGATTTGAAGATATCTAAGCTAAAT	5401
Db	2450	AAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTTTTTTTTAAATTTCAAAAAATTA	2391
Qy	5402	AGAAATCAATTAATTTGAGGATCAAAAAATGTTATTAATCTTAATTAATAATCAATTCAT	5461
Db	2390	AATTTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2331
Qy	5462	TTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGTGTTTATATATCTAATTAATAATGCAATTAAT	5521
Db	2330	TAAATTAACAAAATTAATTAATTTATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2271
Qy	5522	TGACAAAATGCGTTTGGTACCTAATCTTTCTGAAT---ATTGCTCTAATTTTT	5576
Db	2270	TAAATTTATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATAATTTTTTTTTTTTT	2211
Qy	5577	CTCTTTATTTTTCATGAGATTAATCTAATTTGGAAGTTGAGATCGAAATTCAGAGCTT	5636
Db	2210	ATTTTTTTTTCATTTTTTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTT	2151
Qy	5637	ATGCTCTAATGTAATCTGAATGAAGCA-----AAATTAATCGTGGCGAA	5684
Db	2150	TTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT	2091
Qy	5685	ATGAGTAGATCAAGCTGGCAGGATCCCTCCCCCCCCCCCCCCCCACAGGCC	5744
Db	2090	ATAATATTTAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2031
Qy	5745	ATTTTTTAAATTTTTTAAATTTTTTAAATTTTCGATATCAATTAATTAAGTTAATTTGA	5804
Db	2030	TTTATTTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA	1971
Qy	5805	CATGTTGAATTAATTTTGAATTAATGATTAACATATTAATTTTACTAGCTTCTAATGTA	5864
Db	1970	TATTTTAAAAAATTAATTTTTTTTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTAA	1911
Qy	5865	AAAAAAAATGTTCAGACTTCAGATTATGTAATCTGTAATGAATGAATTAATGCTGCT	5924
Db	1910	AAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTT	1851
Qy	5925	TGTTTGAATTTGGTTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACCAACT--TATATGAAA	5983
Db	1850	TTTTTTTTTTTTTTTAAACAAAATTTATTTATTTATTTAAATTTAAATTAATTAACAT	1791
Qy	5984	AGGGGCTGAACGGCGGCCCATAGAGCTAGATCAATGAAGAATCTCAGCTCTGTTT	6043
Db	1790	ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTATTTTAAATTTTAAATTAATTA	1731

[illegible]

```
Qy 7107 TATCTATGTAATGAAATATTATTAATATGTAAGGATTGAAGTTTAAATGAAGACTACT 7166
Db 661 TAAATTTATATTTAAATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 606
Qy 7167 ATGTATTTCTATTTCTAGTCAAAAGTTGACGATTGTACTTTTAAATGTAACAAAATA 7226
Db 605 TTATTAATATTTATTTAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 550
Qy 7227 TAAATGTTATTTATTAATGATGATATATGATCCCTTGGTATTTCTGTGTAAGTAAATGT 7286
Db 549 ATTAATTTTAAATTTTAAATATTAATATTAATATTAATATTAATATTAATATTAATTT 490
Qy 7287 CATTAATTAATTAATCTATTAATGCAATGATTTGTAATGTAATGATTAATATATC 7346
Db 489 TTTTATTTAAATATATTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTT 430
Qy 7347 TTTCATCATTTGATTAATTAAGAAATTAATTTTACGCTATTTACTTTGTGAATTATGTA 7406
Db 429 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCA 370
Qy 7407 GATTTAGTTTGTGTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7434
Db 369 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 342
```

Search completed: March 1, 2005, 11:49:33
Job time : 30421 secs

This Page Blank (uspto)

This Page Blank (uspto)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 1, 2005, 11:49:40 ; Search time 4474 Seconds

(without alignments)
9874.883 Million cell updates/sec

Title: US-10-691-374-1

Perfect score: 7456
Sequence: 1 aagctctcttaaaagcaaa.....accgagtggaataaagag 7456

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5394803 seqs, 2962729879 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 10789606

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Published Applications NA:*
1: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
2: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/PCr_NEW_PUB.seq:*
3: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
4: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
5: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
6: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/PCrUS_PUBCOMB.seq:*
7: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
8: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
9: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
10: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
11: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
12: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US09C_NEW_PUB.seq:*
13: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
14: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
15: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
16: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
17: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
18: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US10F_PUBCOMB.seq:*
19: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
20: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
21: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
22: /cgn2_6/prodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	7456	100.0	7456	US-10-691-374-1	Sequence 1, Appl1
2	7454.4	100.0	7456	US-10-691-374-47	Sequence 47, Appl1
3	7454.4	100.0	7456	US-10-691-374-49	Sequence 49, Appl1
4	2024	27.1	2207	US-09-782-130-26	Sequence 26, Appl1
5	331.8	4.5	8056	US-10-473-126-386	Sequence 386, App
6	328.8	4.4	8056	US-10-473-126-386	Sequence 386, App
7	265.4	3.6	5822	US-09-924-197-1	Sequence 1, Appl1
8	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-1	Sequence 1, Appl1
9	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-47	Sequence 47, Appl1
10	228.4	3.1	7456	US-10-691-374-49	Sequence 49, Appl1
11	216.6	2.9	3673778	US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1

C 12	215.6	2.9	2207	11	US-09-782-130-26	Sequence 26, Appl1
C 13	200.2	2.7	8056	18	US-10-473-126-240	Sequence 240, App
C 14	188.6	2.5	8056	18	US-10-473-126-240	Sequence 240, App
15	179.8	2.4	3673778	16	US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1
C 16	163	2.2	15548	15	US-10-311-455-2128	Sequence 2128, Ap
C 17	145.2	1.9	50000	19	US-10-706-635-23	Sequence 23, Appl1
C 18	141.4	1.9	15373	15	US-10-311-455-440	Sequence 440, App
C 19	138	1.9	7458	15	US-10-311-455-230	Sequence 230, App
C 20	134.8	1.8	18218	15	US-10-311-455-1922	Sequence 1922, Ap
C 21	131	1.8	32392	19	US-10-706-635-27	Sequence 27, Appl1
C 22	130.4	1.7	50000	19	US-10-706-635-23	Sequence 23, Appl1
C 23	130	1.7	34688	18	US-10-433-793-90	Sequence 90, Appl1
C 24	128.8	1.7	32392	19	US-10-706-635-27	Sequence 27, Appl1
C 25	125	1.7	5979	14	US-10-239-676-18	Sequence 18, Appl1
C 26	125	1.7	5979	14	US-10-240-453-26	Sequence 26, Appl1
C 27	124.4	1.7	11422	15	US-10-311-455-191	Sequence 191, App
C 28	124.4	1.7	11422	17	US-10-257-166-17	Sequence 17, Appl1
C 29	123.8	1.7	18154	15	US-10-311-455-227	Sequence 227, App
C 30	123.4	1.7	3673778	16	US-10-312-841-2	Sequence 2, Appl1
C 31	123	1.6	6294	15	US-10-311-455-1027	Sequence 1027, Ap
C 32	122.8	1.6	5979	14	US-10-239-676-18	Sequence 18, Appl1
C 33	122.8	1.6	5979	15	US-10-240-453-26	Sequence 26, Appl1
C 34	122.8	1.6	37515	18	US-10-433-793-28	Sequence 28, Appl1
C 35	122	1.6	11691	15	US-10-311-455-2214	Sequence 2214, Ap
C 36	122	1.6	11745	15	US-10-240-453-206	Sequence 206, App
C 37	120.2	1.6	3673778	16	US-10-312-841-2	Sequence 2, Appl1
C 38	119.2	1.6	15732	14	US-10-239-676-95	Sequence 95, Appl1
C 39	119.2	1.6	15732	15	US-10-240-453-107	Sequence 107, App
C 40	119	1.6	15732	14	US-10-239-676-96	Sequence 96, Appl1
C 41	119	1.6	15732	15	US-10-240-453-108	Sequence 108, App
C 42	118.8	1.6	158001	17	US-10-211-179-11	GENERAL INFORMATI
C 43	118.6	1.6	5641	15	US-10-311-455-1369	Sequence 1369, Ap
C 44	117.4	1.6	34688	18	US-10-433-793-90	Sequence 90, Appl1
C 45	117.2	1.6	18218	15	US-10-311-455-1922	Sequence 1922, Ap

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-691-374-1
Sequence 1, Application US/10691374
Publication No. US20040250322A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knauf, Vic
APPLICANT: Anawaf Inc.
TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-
FILE REFERENCE: MBHB 02-276
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
CURRENT FILING DATE: 2003-10-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 1
LENGTH: 7456
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1479)..(1757)
OTHER INFORMATION:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (2416)..(2547)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3327)..(3491)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:

```

? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (3696)..(3716)
? OTHER INFORMATION:
?
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (4260)..(4467)
? OTHER INFORMATION:
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (4567)..(4648)
? OTHER INFORMATION:
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (5602)..(5710)
? OTHER INFORMATION:
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (6139)..(6255)
? OTHER INFORMATION:
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (6788)..(7045)
? OTHER INFORMATION:
?
US-10-691-374-1

```

Query Match	100.0%;	Score 7456;	DB 18;	Length 7456;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 0;		
Matches 7456;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

QY	1	AACCTCTTAAAAAGGCAAAATGGATTATTTGAATGCAAAATATTAATTATTAACAATGG	60
Db	1	AACCTCTTAAAAAGGCAAAATGGATTATTTGAAGTCAAAATATTAATTATTAACAATGG	60
QY	61	TAAAGCACCCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGGTACCAATAGCGCTATATTTAACTCAACT	120
Db	61	TAAAGCACCCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGGTACCAATAGCGCTATATTTAACTCAACT	120
QY	121	TGATTATATTAATAAAAAATTTCAATTGCAAAAGGCGCTAAAATATTCGAAAGTATTCGAA	180
Db	121	TGATTATATTAATAAAAAATTTCAATTGCAAAAGGCGCTAAAATATTCGAAAGTATTCGAA	180
QY	181	ATGCTCAAAACCTACCATCGGTCCACCTATTTGCTGCCAAAATTAATTTATTCACCTT	240
Db	181	ATGCTCAAAACCTACCATCGGTCCACCTATTTGCTGCCAAAATTAATTTATTCACCTT	240
QY	241	TGAGTTTAAATTTGACTACTTATATTAACAATTCATAATTTTAAACTATTTTAACTCTTA	300
Db	241	TGAGTTTAAATTTGACTACTTATATTAACAATTCATAATTTTAAACTATTTTAACTCTTA	300
QY	301	AAAATATACATGGGCTCAAAATTTTAATAATTAATTTAATTTATGATATTCATTTTAACA	360
Db	301	AAAATATACATGGGCTCAAAATTTTAATAATTTAATTTAATTTAATGAAATATTCATTTTAACA	360
QY	361	ACCAATCAACCACTGATTATCATTTAAATCCACCAATTTCTACATCAAAATTTGCTCT	420
Db	361	ACCAATCAACCACTGATTATCATTTAAATCCACCAATTTCTACATCAAAATTTGCTCT	420
QY	421	AAACCTCTATAAAACAAGCGAAATTTGTCGAGTCGGAATCGAAGCAACCATCTAATTTA	480
Db	421	AAACCTCTATAAAACAAGCGAAATTTGTCGAGTCGGAATCGAAGCAACCATCTAATTTA	480
QY	481	GGTTGAGCGCATATTTTGAAGGACACTTTCATAGTATTTTTCACAGCATGAATTTGA	540
Db	481	GGTTGAGCGCATATTTTGAAGGACACTTTCATAGTATTTTTCACAGCATGAATTTGA	540
QY	541	AATTGAATTTAATGTTAAAGAGTATGACCCGAATTAATTCATGCGCTTTTAAATA	600
Db	541	AATTGAATTTAATGTTAAAGAGTATGACCCGAATTAATTCATGCGCTTTTAAATA	600
QY	601	TAAATTAATAATATTTTGAATTTGTTTAAATTTTAAACCTGAATATTAATTTTAA	660
Db	601	TAAATTAATAATATTTTGAATTTGTTTAAATTTTAAACCTGAATATTAATTTTAA	660

[illegible]

Dp	1741	AAACATATGATATATATGTAATATTTAAATATGGAATATATTTGTGGAGTGAATATG	1800
Qy	1801	ATAGAGATATATAGAAATATTTGGAAAGATGAAAGTATATTTATATTAAGTAAATAT	1860
Dp	1801	ATAGAGATATATAGAAATATTTGGAAAGATGAAAGTATATTTATATTAAGTAAATAT	1860
Qy	1861	ATTTTCTCGTTTTTNGATATTAAGGTGAATAATGATTTCTCGTTAAGCAGAGAAAGCTAT	1920
Dp	1861	ATTTTCTCGTTTTTNGATATTAAGGTGAATAATGATTTCTCGTTAAGCAGAGAAAGCTAT	1920
Qy	1921	TTTCCATGCTAACCTGATTTTTTTTTTAACTTTTAATACGTCATATGATTTGCTATATCT	1980
Dp	1921	TTTCCATGCTAACCTGATTTTTTTTTTAACTTTTAATACGTCATATGATTTGCTATATCT	1980
Qy	1981	AAAGATTAAGACACTTATATATGATGATTTAGTGTGCGAAAGAAATATATAGTAAATTTG	2040
Dp	1981	AAAGATTAAGACACTTATATATGATGATTTAGTGTGCGAAAGAAATATATAGTAAATTTG	2040
Qy	2041	CTTAAATATATCACTATCAATTTCTTATATGTATATTTTCAACCAAAATATACAAAGCTAT	2100
Dp	2041	CTTAAATATATCACTATCAATTTCTTATATGTATATTTTCAACCAAAATATACAAAGCTAT	2100
Qy	2101	CCAATTAAGTGGGCTCTTGAATTAAGAGTAAAGTTCTATTCATTTCTTAACTTATTTAT	2160
Dp	2101	CCAATTAAGTGGGCTCTTGAATTAAGAGTAAAGTTCTATTCATTTCTTAACTTATTTAT	2160
Qy	2161	TTTAGTGGAAACCTGACAAAGAAAGAAACGATTCGAAACCTTTATATTTGCGAATTCG	2220
Dp	2161	TTTAGTGGAAACCTGACAAAGAAAGAAACGATTCGAAACCTTTATATTTGCGAATTCG	2220
Qy	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTGCACACATGCATATATAGTCTTATATATATATATTTTCTA	2280
Dp	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTGCACACATGCATATATAGTCTTATATATATATATTTTCTA	2280
Qy	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATATTTGAATAATGACTTTATTCCTATCGAACA	2340
Dp	2281	AAAAATATCTTCAATCTACCATATTTGAATATTTGAATAATGACTTTATTCCTATCGAACA	2340
Qy	2341	CATATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTTACACATATTTGGATTTGTTCTTATCGGT	2400
Dp	2341	CATATATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTTACACATATTTGGATTTGTTCTTATCGGT	2400
Qy	2401	AAAAATATCTTTCAGGCAATTTGAGCAACATGSAATGAAAGATGTTCAATCTAGAACACT	2460
Dp	2401	AAAAATATCTTTCAGGCAATTTGAGCAACATGSAATGAAAGATGTTCAATCTAGAACACT	2460
Qy	2461	GTTCAATTTGTGTTCTTAAABAAACAAGATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACTTTTCAGGT	2520
Dp	2461	GTTCAATTTGTGTTCTTAAABAAACAAGATTAATCTTCTCAAGCAAAATCACTTTTCAGGT	2520
Qy	2521	CCATGCAACATCTTCAATTTCCAGTAAAGGTTAGCAATATGATTAATTAATCTCTTGT	2580
Dp	2521	CCATGCAACATCTTCAATTTCCAGTAAAGGTTAGCAATATGATTAATTAATCTCTTGT	2580
Qy	2581	AGCATATATATATCTGTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACAA	2640
Dp	2581	AGCATATATATATCTGTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAAGTATCAAAATGATATTAACAA	2640
Qy	2641	TGAATTTTGTCTCAATTTTAAAGGATTTAGTGAAGAAATTAACAAATGTTATGTTAGCTA	2700
Dp	2641	TGAATTTTGTCTCAATTTTAAAGGATTTAGTGAAGAAATTAACAAATGTTATGTTAGCTA	2700
Qy	2701	TGAGCAACTTATGCTATGAAATTTAGCTAGAGAAAGTATGATGCTAATTTTATTTT	2760
Dp	2701	TGAGCAACTTATGCTATGAAATTTAGCTAGAGAAAGTATGATGCTAATTTTATTTT	2760
Qy	2761	TGTAGAGTAAAGATATTTGAAACACATGATATTAATTAATATATGCTATATTAATATG	2820
Dp	2761	TGTAGAGTAAAGATATTTGAAACACATGATATTAATTAATATATGCTATATTAATATG	2820
Qy	2821	TCAATGATATGTTCAACTTAAGAACTGTCAAAAGAAATTAAGAAATATATTTATTT	2880

Db	2821	TCAATGCATAGCTCAAACTAAGACCTGCTAAAAGAAATTAAGAAAGAAATATTATTTT	2880
Qy	2881	TAAATATAATTAAAGAAATAATGAGAAATAATTCAAAGCAGAGAGTATTACATAA	2940
Db	2881	TAAATATAATTAAAGAAATAATGAGAAATAATTCAAAGCAGAGAGTATTACATAA	2940
Qy	2941	TCATATGGGGATAAAGATATTATATATGTAAGAAAACAGCATACATATCTTAATPAA	3000
Db	2941	TCATATGGGGATAAAGATATTATATATGTAAGAAAACAGCATACATATCTTAATPAA	3000
Qy	3001	GTCATCAATTAAGATATAAAAAAAGGTGTAAAGCAACAGTTATCCGTACAAAACCTTT	3060
Db	3001	GTCATCAATTAAGATATAAAAAAAGGTGTAAAGCAACAGTTATCCGTACAAAACCTTT	3060
Qy	3061	GTGGGGTAGATCGATCCAGAGGTGTTCAGACTCTTGCTTAAAAAAAATGTATTTTCT	3120
Db	3061	GTGGGGTAGATCGATCCAGAGGTGTTCAGACTCTTGCTTAAAAAAAATGTATTTTCT	3120
Qy	3121	AAATPAAGTTGAAGAAATGTTATATGATGAAAAATATGAAGAAAAACATATCAATATTA	3180
Db	3121	AAATPAAGTTGAAGAAATGTTATATGATGAAAAATATGAAGAAAAACATATCAATATTA	3180
Qy	3181	AAATPAATPAAGTATCAAAAGTAAACGAATPAACATATGGAATATATCTCAATPAATGAAA	3240
Db	3181	AAATPAATPAAGTATCAAAAGTAAACGAATPAACATATGGAATATATCTCAATPAATGAAA	3240
Qy	3241	TTATAGTGCTTTTCGTTAACATATCTTAAGTTTATCATTTGTTCTTTAAATTTCCCTCT	3300
Db	3241	TTTATGTGCTTTTCGTTAACATATCTTAAGTTTATCATTTGTTCTTTAAATTTCCCTCT	3300
Qy	3301	TATTTTTTTTGAATTAATACTAATGAGATTTTGGATCCTTAGAAGCATCTAGTAAATTT	3360
Db	3301	TATTTTTTTTGAATTAATACTAATGAGATTTTGGATCCTTAGAAGCATCTAGTAAATTT	3360
Qy	3361	CAGACTACAAAGATAGAAGGCTTTGGATGTCTTTGATAGTGTCAAAATTTATATGTGTG	3420
Db	3361	CAGACTACAAAGATAGAAGGCTTTGGATGTCTTTGATAGTGTCAAAATTTATATGTGTG	3420
Qy	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGAGCAATGAGCAACAGTATGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480
Db	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGAGCAATGAGCAACAGTATGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480
Qy	3481	ATPAATCACTGATTAATTTATPAACCTTGCTTAATAGTTTTAACGCTATGTGCTCGAATTC	3540
Db	3481	ATPAATCACTGATTAATTTATPAACCTTGCTTAATAGTTTTAACGCTATGTGCTCGAATTC	3540
Qy	3541	TTTAAACTCTGTTCTAAAGATTTATATATTTGAAGAGGTGTCACAATATCATCAATTT	3600
Db	3541	TTTAAACTCTGTTCTAAAGATTTATATATTTGAAGAGGTGTCACAATATCATCAATTT	3600
Qy	3601	TTAGAGATTCGAGCAATATTAAGTTATATGTAATCTAATTTTGAAGACTCTTGCGCTG	3660
Db	3601	TTAGAGATTCGAGCAATATTAAGTTATATGTAATCTAATTTTGAAGACTCTTGCGCTG	3660
Qy	3661	TACTGATCATTTGTTACCCCTTTTTTCTTCATGCAAGCCATGCAAGGATGCAACAACGGTAC	3720
Db	3661	TACTGATCATTTGTTACCCCTTTTTTCTTCATGCAAGCCATGCAAGGATGCAACAACGGTAC	3720
Qy	3721	GTTAATATTCATTTGATTTGATTAATAAAAAAAGCCTTAATATATTGGAATTTTAATGA	3780
Db	3721	GTTAATATTCATTTGATTTGATTTAATAAAAAAAGCCTTAATATATTGGAATTTTAATGA	3780
Qy	3781	AAGGTAAATTAATTTCTTAACCTTTGGCAGAGACCTATTAACCCCTTGCACTATTTAATAGT	3840
Db	3781	AAGGTAAATTAATTTCTTAACCTTTGGCAGAGACCTATTAACCCCTTGCACTATTTAATAGT	3840
Qy	3841	GTATTTTAAAGATATAAAGGTGTTAGTTAGTGAACAAAAAATTTAGATATTCAAAAACTAT	3900
Db	3841	GTATTTTAAAGATATAAAGGTGTTAGTTAGTGAACAAAAAATTTAGATATTCAAAAACTAT	3900
Qy	3901	TGAAAATTAATCTATTAATTCGATTTTTCGATATCAATATGATTAATAAAAAATATTAGTTA	3960
Db	3901	TGAAAATTAATCTATTAATTCGATTTTTCGATATCAATATGATTAATAAAAAATATTAGTTA	3960


```
OY 3961 AAGTCTTATGATTTGATCTTAAAAATTAATAATCAGAACAAATAGTAGACGAGAAA 4020
    |||||
DB 3961 AAGTCTTATGATTTGATCTTAAAAATTAATAATCAGAACAAATAGTAGACGAGAAA 4020
OY 4021 GATATATACAAATACCTCTTCAAGTAGAATCGATTTGTACACACACCTCAAACTACGTT 4080
    |||||
DB 4021 GATATATACAAATACCTCTTCAAGTAGAATCGATTTGTACACACACCTCAAACTACGTT 4080
OY 4081 TTCTTCGATTTATTTTCTATTTCTTTTAATAGTAATCAAAAGGCTATTTAGTCTGTCAA 4140
    |||||
DB 4081 TTCTTCGATTTATTTTCTATTTCTTTTAATAGTAATCAAAAGGCTATTTAGTCTGTCAA 4140
OY 4141 AATCTATACATTTGAAAACCTATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
    |||||
DB 4141 AATCTATACATTTGAAAACCTATCTTTGACGCTGTGACATTCGAGATCGTTGAACAATG 4200
OY 4201 GATGATATATTTTAACTTTGTATTTAAATTTAAATCTAAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
    |||||
DB 4201 GATGATATATTTTAACTTTGTATTTAAATTTAAATCTAAATTTGTTAAATTTTCAGG 4260
OY 4261 CCTTAACCTCTGCAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATATCTAAAGGTAATAATGCAC 4320
    |||||
DB 4261 CCTTAACCTCTCTGCAATTTGCAAAAATTTGAAAGGAAATATCTAAAGGTAATAATGCAC 4320
OY 4321 AACCAATTCATATCAAAATTTGATGATGCACTAAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
    |||||
DB 4321 AACCAATTCATATCAAAATTTGATGATGCACTAAATGTTGAGCTTCAAAATTTGATGATCA 4380
OY 4381 ATGCTTCAGCAAAAGGCCCAATATCTGATGAGATCCATATGCAAAATCTCAATATATTC 4440
    |||||
DB 4381 ATGCTTCAGCAAAAGGCCCAATATCTGATGAGATCCATATGCAAAATCTCAATATATTC 4440
OY 4441 AAATATCTGATACATATTAATGGAACAGGTTATTTATTTATTTTATTTATCCAAATTA 4500
    |||||
DB 4441 AAATATCTGATACATATTAATGGAACAGGTTATTTATTTATTTTATTTATCCAAATTA 4500
OY 4501 AATGAAAAAAAAGGAGATATTTTATTTGATTAACATAATTTATTTTAAATTTTATTTT 4560
    |||||
DB 4501 AATGAAAAAAAAGGAGATATTTTATTTGATTAACATAATTTATTTTAAATTTTATTTT 4560
OY 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGGAATCTCAAAATGTCAGGACCAAAATA 4620
    |||||
DB 4561 TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGGAATCTCAAAATGTCAGGACCAAAATA 4620
OY 4621 TTACTTGTGTCAGGTCATGATGATAAGTACTATTTTACAAATATATCTTGTCCAT 4680
    |||||
DB 4621 TTACTTGTGTCAGGTCATGATGATAAGTACTATTTTACAAATATATCTTGTCCAT 4680
OY 4681 TTCTCTATTTTCAATAAAGGATGATGATAATTAATTAATTAATCTTTAATTTAATTT 4740
    |||||
DB 4681 TTCTCTATTTTCAATAAAGGATGATGATAATTAATTAATTAATCTTTAATTTAATTT 4740
OY 4741 TATTTGCAAAATTTTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTAGACATAATTAAGGCGG 4800
    |||||
DB 4741 TATTTGCAAAATTTTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTAGACATAATTAAGGCGG 4800
OY 4741 TATTTGCAAAATTTTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTAGACATAATTAAGGCGG 4800
    |||||
DB 4741 TATTTGCAAAATTTTCTTGTCTTTATGTTAATGACTTAGACATAATTAAGGCGG 4800
OY 4801 TTTTGATGAGCGCAATTAAGCAGCTTTAAAAAAGTCTTTAAAAAGTGTGAACCTTAAT 4860
    |||||
DB 4801 TTTTGATGAGCGCAATTAAGCAGCTTTAAAAAAGTCTTTAAAAAGTGTGAACCTTAAT 4860
OY 4861 TTTTAAATTAAGCAGTTATCGGTTTGAATTAAGTGTGAAGTTTATCTCAAGCTGAA 4920
    |||||
DB 4861 TTTTAAATTAAGCAGTTATCGGTTTGAATTAAGTGTGAAGTTTATCTCAAGCTGAA 4920
OY 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGTTAATAAATATTA 4980
    |||||
DB 4921 AAGGGAATAATGGAAGAAATGTTAGGTTATATGAGTTATTTGTTAATAAATATTA 4980
OY 4981 AGCAGCAAAAAGATTAATAATGTGTCACTTAATAACAATTAAGCTACCTTACC 5040
    |||||
DB 4981 AGCAGCAAAAAGATTAATAATGTGTCACTTAATAACAATTAAGCTACCTTACC 5040

OY 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTTAAAAATAGTTTTTTTTTTTTTAAAACTTAAATTAAGTTGT 5100
    |||||
DB 5041 CCAGCTTTTAACTTTGGCTTTAAAAATAGTTTTTTTTTTTTTAAAACTTAAATTAAGTTGT 5100
OY 5101 TTGAGTATTCGCAAAAGGCTTAATTAATGCAAAAACAGCTTTTAATCTGCTTGACCAC 5160
    |||||
DB 5101 TTGAGTATTCGCAAAAGGCTTAATTAATGCAAAAACAGCTTTTAATCTGCTTGACCAC 5160
OY 5161 TTTTAACTGAGCAAAACAGGCTTTTAAATGTCGCTTGAATGTCATATATATTTGA 5220
    |||||
DB 5161 TTTTAACTGAGCAAAACAGGCTTTTAAATGTCGCTTGAATGTCATATATATTTGA 5220
OY 5221 GCTTTTAAATGATATATATTTATCTTTAAGTTCAATTAATAATCTTTAATATG 5280
    |||||
DB 5221 GCTTTTAAATGATATATATTTATCTTTAAGTTCAATTAATAATCTTTAATATG 5280
OY 5281 CACATATAGTTATCAAAAGACAAATGATATATTTTGGAAATTTGGAATTTGATATCA 5340
    |||||
DB 5281 CACATATAGTTATCAAAAGACAAATGATATATTTTGGAAATTTGGAATTTGATATCA 5340
OY 5341 GAAAAGGATAGTTCAAGGTATCATTTCAATGAAATGGAAGATCATTAAGACTTAAT 5400
    |||||
DB 5341 GAAAAGGATAGTTCAAGGTATCATTTCAATGAAATGGAAGATCATTAAGACTTAAT 5400
OY 5401 TAGAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTAATAAATGATCAAT 5460
    |||||
DB 5401 TAGAAGATCAATTAATTTGAGGATCAAAAATGTTATTAATCTAATAAATGATCAAT 5460
OY 5461 TTTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGATGTTTATTAATCTAATAAATGATCAAT 5520
    |||||
DB 5461 TTTCAATTAATTAATTAATTAATTAAGATGTTTATTAATCTAATAAATGATCAAT 5520
OY 5521 TTGAGCAAAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 5580
    |||||
DB 5521 TTGAGCAAAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 5580
OY 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATTAATGAAAGCTTGAAGATCTGGAATCAGAAAGCTTAAT 5640
    |||||
DB 5581 TTTTATTTTCCATGATTAATTAATGAAAGCTTGAAGATCTGGAATCAGAAAGCTTAAT 5640
OY 5641 GTCTATGTTACTGTAATTAAGCAAAATTAATGAGTCCGATGAGTGAAGTGAAGTCA 5700
    |||||
DB 5641 GTCTATGTTACTGTAATTAAGCAAAATTAATGAGTCCGATGAGTGAAGTGAAGTCA 5700
OY 5701 GACTTGAGAGGATACCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCT 5760
    |||||
DB 5701 GACTTGAGAGGATACCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCT 5760
OY 5761 TTTAAATTTTATGCAATATCAATTAATTAAGATTAATTTGATTTGATTTGATTTGAT 5820
    |||||
DB 5761 TTTAAATTTTATGCAATATCAATTAATTAAGATTAATTTGATTTGATTTGATTTGAT 5820
OY 5821 AATTGGAATTAAGTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 5880
    |||||
DB 5821 AATTGGAATTAAGTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 5880
OY 5881 AACTTCAGATTAATTTGATCTGATTAAGTGAATGTTGCTTTGTTGAAGTTTGT 5940
    |||||
DB 5881 AACTTCAGATTAATTTGATCTGATTAAGTGAATGTTGCTTTGTTGAAGTTTGT 5940
OY 5941 TTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAACTTAATTAATGAAGGGGCTGCAACGGCG 6000
    |||||
DB 5941 TTTATCCAGTTTGGGTGATGATTAACCAAACTTAATTAATGAAGGGGCTGCAACGGCG 6000
OY 6001 GCCCAGTATGCTATGATTAATGGAAGATCTCAAGTCTGTTTATTTCAAGTGAAGCTTCT 6060
    |||||
DB 6001 GCCCAGTATGCTATGATTAATGGAAGATCTCAAGTCTGTTTATTTCAAGTGAAGCTTCT 6060
OY 6061 TGGTGAATGTTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
    |||||
DB 6061 TGGTGAATGTTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6120
OY 6121 TGTGTTTAAATTAATGTAAGGAGATCTGCAAGACTGAACATCAAAATTTCTGAATGTG 6180
    |||||
```

Db 6121 TGGGTTTAAATGATGAGGAGATCGACAAGCTGACAACATCAATTTCTGAATGTG 6180
Qy 6181 GAAATGCAAGCGTTAGTATCCCATATATATAGACCAAAACATTTGTGATCGAGTTGAA 6240
Db 6181 GAAATGCAAGCGTTAGTATCCCATATATATAGACCAAAACATTTGTGATCGAGTTGAA 6240
Qy 6241 CCATGTATACACAGTAAATTTTATTAAGAACATTTATATATTTTATTACTTCTT 6300
Db 6241 CCATGTATACACAGTAAATTTTATTAAGAACATTTATATATTTTATTACTTCTT 6300
Qy 6301 AAATCACCCTTACATCAATTAACCTTGAGATCTTTTCAGTAGTAACTTTTGAAT 6360
Db 6301 AAATCACCCTTACATCAATTAACCTTGAGATCTTTTCAGTAGTAACTTTTGAAT 6360
Qy 6361 AGATTTTACTAAATGATATTCATATCTTCTTATTTTCTCTATTTATGATCTTT 6420
Db 6361 AGATTTTACTAAATGATATTCATATCTTCTTATTTTCTCTATTTATGATCTTT 6420
Qy 6421 TGGACTATGGCTTAAATCTTGTGTTAAAGTAACTGAATATCAATAGAAAATGTTGA 6480
Db 6421 TGGACTATGGCTTAAATCTTGTGTTAAAGTAACTGAATATCAATAGAAAATGTTGA 6480
Qy 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTTATTAAGCGTTATCTAATATTTTGTATGAATG 6540
Db 6481 TTATTAATCTAAATTTTATTAATTTATTAAGCGTTATCTAATATTTTGTATGAATG 6540
Qy 6541 AGAAACCTATACATTAACATTAAGTCAATTTAATATATCTAATATTTGATTTCAA 6600
Db 6541 AGAAACCTATACATTAACATTAAGTCAATTTAATATATCTAATATTTGATTTCAA 6600
Qy 6601 TCAATCAGTACTACACAAGCAATACATGAGATTTCTCAACATATATGATGAAGTCATT 6660
Db 6601 TCAATCAGTACTACACAAGCAATACATGAGATTTCTCAACATATATGATGAAGTCATT 6660
Qy 6661 CAAAACGAATCAATATATAGATATATCTTTAAAAGAGACATTTGGGTAAATTAAGTA 6720
Db 6661 CAAAACGAATCAATATATAGATATATCTTTAAAAGAGACATTTGGGTAAATTAAGTA 6720
Qy 6721 AAAATCATTAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6780
Db 6721 AAAATCATTAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6780
Qy 6781 GTTCAGATTTTACAGAGTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGCGACAG 6840
Db 6781 GTTCAGATTTTACAGAGTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGAAATATCAAGGCGACAG 6840
Qy 6841 TGCACAAAGGTGGCCATTAATTTGATGTCAGACCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTAAT 6900
Db 6841 TGCACAAAGGTGGCCATTAATTTGATGTCAGACCAAACTTTCCATGTGAAGAAATTAAT 6900
Qy 6901 AATGAGAAATATTAATTTAGTAGGGGAAATGTGAAAAACATTCAGAGGCTACGTGCAAAA 6960
Db 6901 AATGAGAAATATTAATTTAGTAGGGGAAATGTGAAAAACATTCAGAGGCTACGTGCAAAA 6960
Qy 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACATTCCTCATAGAAATTTTCA 7020
Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGAACATGTTACACACACATTCCTCATAGAAATTTTCA 7020
Qy 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Db 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Qy 7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Db 7081 ATGATATATACAAATTAACAAATCTATATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Qy 7141 CGGATTAAGTATTAATTAAGCTATGATTTCTAATTTCTAGTCAAAAGTTTGAAGA 7200
Db 7141 CGGATTAAGTATTAATTAAGCTATGATTTCTAATTTCTAGTCAAAAGTTTGAAGA 7200
Qy 7201 TTGTACTTTTAAATGTAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Db 7201 TTGTACTTTTAAATGTAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260

Db 7201 TTGTACTTTTAAATGTAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Qy 7261 TGGATTTCTTGATGAATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Db 7261 TGGATTTCTTGATGAATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Qy 7321 TATTTGTTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Db 7321 TATTTGTTAATGATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Qy 7381 GTCTATTAATCTTGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Db 7381 GTCTATTAATCTTGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Qy 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456
Db 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456

RESULT 2
US-10-691-374-47
Sequence 47, Application US/10691374
Publication No. US2004025032A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knaut, Vic
APPLICANT: Anawah Inc.
TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-
FILE REFERENCE: MBHB 02-276
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
CURRENT FILING DATE: 2003-10-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 47
LENGTH: 7456
TYPE: DNA
ORGANISM: Lycopersicon esculentum
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1479)..(1757)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (2416)..(2547)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3327)..(3491)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (3696)..(3716)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4260)..(4467)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (4567)..(4648)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (5602)..(5710)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (6139)..(6255)
OTHER INFORMATION:
FEATURE:

NAME/KEY: CDS
LOCATION: (6788)..(7045)
OTHER INFORMATION:
US-10-691-374-47

Query Match 100.0%; Score 7454.4; DB 18; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7455; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATGATTAATTGAGTCAAAATTAATTAATTAAACATGG 60
DB 1 AAGCTTCTTAAAGGCAATGATTAATTGAGTCAAAATTAATTAATTAAACATGG 60
QY 61 TAAAGCAGCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
DB 61 TAAAGCAGCTTAAGAAACCATAGTTTGAAGGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
QY 121 TGAATATTAATAAATAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAAGTTCGAA 180
DB 121 TGAATATTAATAAATAAATTTCAATTCGAAAAGGCTTAAATATTCGAAAGTTCGAA 180
QY 181 ATGTACAAACCTACATCCGTCACATTAATGATCCGAAATTAATTAATTAATCCACT 240
DB 181 ATGTACAAACCTACATCCGTCACATTAATGATCCGAAATTAATTAATTAATCCACT 240
QY 241 TGAATTAATAATGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
DB 241 TGAATTAATAATGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 300
QY 301 AAAATACATGGCGTTCAAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
DB 301 AAAATACATGGCGTTCAAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 360
QY 361 ACCAATACCAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
DB 361 ACCAATACCAACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 420
QY 421 AAAACATCTAATAACAAGCAATTTGTGAGTCCGAAATCGAAGCAACCAATCTAATTA 480
DB 421 AAAACATCTAATAACAAGCAATTTGTGAGTCCGAAATCGAAGCAACCAATCTAATTA 480
QY 481 GGTGACCGCATATTTAGAGGACACTTCAATAGATTTTTCGAAGATGAATTTGA 540
DB 481 GGTGACCGCATATTTAGAGGACACTTCAATAGATTTTTCGAAGATGAATTTGA 540
QY 541 AATTAAAGATTAATGTTAAAGAGTAGTACACCGAATTAATTCATGCCCTTTTAAATA 600
DB 541 AATTAAAGATTAATGTTAAAGAGTAGTACACCGAATTAATTCATGCCCTTTTAAATA 600
QY 601 TAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
DB 601 TAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 660
QY 661 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
DB 661 AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
QY 721 GGTGTTAATTAAGTAATGAGTGTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
DB 721 GGTGTTAATTAAGTAATGAGTGTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 780
QY 781 TTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
DB 781 TTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 840
QY 841 ACCGTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
DB 841 ACCGTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
QY 901 AATAGGGAGATGAAGATTAATTTGAACCAATATGTATGATGAGATGAATTAATTTGT 960
DB 901 AATAGGGAGATGAAGATTAATTTGAACCAATATGTATGATGAGATGAATTAATTTGT 960

```

```

QY 961 ATCATTTCTAATACCTTTAAAGATTAATTTAGTCAATTTCCCTTCTTAGTTTAAGACTA 1020
DB 961 ATCATTTCTAATACCTTTAAAGATTAATTTAGTCAATTTCCCTTCTTAGTTTAAGACTA 1020
QY 1021 TAGGTAGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCGCTTAATTTATTTTATTA 1080
DB 1021 TAGGTAGTTCATCGAATATCATCTATTAATTCGCGCTTAATTTATTTTATTA 1080
QY 1081 AATTTTAAATAATAATTAATTTTCAATTTCAATTTGATGTAATTAATTTTAA 1140
DB 1081 AATTTTAAATAATAATTAATTTTCAATTTCAATTTGATGTAATTAATTTTAA 1140
QY 1141 TTAACCAATATAATAATAATTTTAATTTTAACCAATTTGACATTAATTTTAA 1200
DB 1141 TTAACCAATATAATAATAATTTTAATTTTAACCAATTTGACATTAATTTTAA 1200
QY 1201 TTAATCAAAATAATAATTTTAAACATCATTAATTAAGAAATTCGACAAATTCGAGAC 1260
DB 1201 TTAATCAAAATAATAATTTTAAACATCATTAATTAAGAAATTCGACAAATTCGAGAC 1260
QY 1261 GGGAGAAACAGCCGACGACAAATAATGTCGAGAAACCTTTGCTTAATTCCTCATC 1320
DB 1261 GGGAGAAACAGCCGACGACAAATAATGTCGAGAAACCTTTGCTTAATTCCTCATC 1320
QY 1321 CAAACTAATATAATACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
DB 1321 CAAACTAATATAATACCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
QY 1381 TATTAATAGCAAAACCTTCCCATACCTTTATCATTAATAAATAATAATTTTCA 1440
DB 1381 TATTAATAGCAAAACCTTCCCATACCTTTATCATTAATAAATAATAATTTTCA 1440
QY 1441 TAGACAGTTTAAACCAATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
DB 1441 TAGACAGTTTAAACCAATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
QY 1501 TTCTCCTTCTCATTTAATTTTGTTCATCAATTTCAACTGTGAGACATGTTATG 1560
DB 1501 TTCTCCTTCTCATTTAATTTTGTTCATCAATTTCAACTGTGAGACATGTTATG 1560
QY 1561 ATGACATTTTATTCAAACAGTTTATGTAATTAATTTGAAACAGAAATTTCTCATGAT 1620
DB 1561 ATGACATTTTATTCAAACAGTTTATGTAATTAATTTGAAACAGAAATTTCTCATGAT 1620
QY 1621 TTCAAGCTTAATCTTCTTAATTTGAGCAAAATTAATTTGAAGCAATTAATTTGAACAG 1680
DB 1621 TTCAAGCTTAATCTTCTTAATTTGAGCAAAATTAATTTGAAGCAATTAATTTGAACAG 1680
QY 1681 TTGATTAATAATGGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
DB 1681 TTGATTAATAATGGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
QY 1741 AAACATATGATTAATTTGTAAATTTTAATTAATTTGAATTAATTTTGGGGATGAATG 1800
DB 1741 AAACATATGATTAATTTGTAAATTTTAATTAATTTGAATTAATTTTGGGGATGAATG 1800
QY 1801 AATAGGAATTAAGAAATTAATTTGAGAGGAAAGTTAATTTTAATTAATTAATTA 1860
DB 1801 AATAGGAATTAAGAAATTAATTTGAGAGGAAAGTTAATTTTAATTAATTAATTAATTA 1860
QY 1861 AATTTTCTGTTTTAGATTAAGGTGAATAATGATTTCTGTTAAGGAGAAAGCTAT 1920
DB 1861 AATTTTCTGTTTTAGATTAAGGTGAATAATGATTTCTGTTAAGGAGAAAGCTAT 1920
QY 1921 TTTCATGATTAAGTATTTTCTTTTAACTTTTAATTAATTAATTAATTTGCTATATCTC 1980
DB 1921 TTTCATGATTAAGTATTTTCTTTTAACTTTTAACTTTTAATTAATTAATTTGCTATATCTC 1980
QY 1981 AAGATTAAGACACTTATTAATTAATTTAGTCTCGAAAGAAATTAATTAATTTG 2040
DB 1981 AAGATTAAGACACTTATTAATTAATTTAGTCTCGAAAGAAATTAATTAATTTG 2040
QY 2041 CTTAATATTAATTAATTAATTTTCAACCAAAATTAACAAAGCGTAAT 2100

```

Db	2041	CTTAATTAACATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATPACAAACGTAAT	2100	Db	3121	AAATTAAGTTGAAAGAAATGTTATATGATGAAAAATATGAAAGAAACATATCAATATTA	3180
Qy	2101	CCATAATGCGGCGCTCTAGAAATAAGAGTAGTCTATTCAAATCTTAACCTTTATAT	2160	Qy	3181	AAATTAATAAGTATCAAGATTAACGAAATPACAAATGAAATATATCTCAATAATGAAA	3240
Db	2101	CCAAATAAGTGGCGCTCTAGAAATAAGAGTAGTCTATTCAAATCTTAACCTTTATAT	2160	Db	3181	AAATTAATAAGTATCAAGATTAACGAAATPACAAATGAAATATATCTCAATAATGAAA	3240
Qy	2161	TTTAGTGGAAAACCTCGACAAAACGAAACAAAGTATTCAACTTTTATATCGGAATTCG	2220	Qy	3241	TTTAGTGGCTTTTCGTTAACATAATCTTAGTTTATATCATTTGTTCTTTAAATTTCCCTTC	3300
Db	2161	TTTAGTGGAAAACCTCGACAAAACGAAACAAAGTATTCAACTTTTATATCGGAATTCG	2220	Db	3241	TTTAGTGGCTTTTCGTTAACATAATCTTAGTTTATATCATTTGTTCTTTAAATTTCCCTTC	3300
Qy	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTCACACATGCAATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA	2280	Qy	3301	TATTTTGTGAAATTAATCAATGCAATTTTGGATCTTAAAGCAATCTAATGTAATTT	3360
Db	2221	AGACCAACCATATGAAACAACCTCACACATGCAATATAGTCTTAATATATATATTTTCTA	2280	Db	3301	TATTTTGTGAAATTAATCAATGCAATTTTGGATCTTAAAGCAATCTAATGTAATTT	3360
Qy	2281	AAAAATATCTTCATCTTACCATATTTGAAATATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGAACA	2340	Qy	3361	CAGACTACAAAGATGAAAGGCTTTGATGCTTTTGAATGTTCAAAATTTAGTGTG	3420
Db	2281	AAAAATATCTTCATCTTACCATATTTGAAATATTTGAAAAATGACTTTTATCTATCGAACA	2340	Db	3361	CAGACTACAAAGATGAAAGGCTTTGATGCTTTTGAATGTTCAAAATTTAGTGTG	3420
Qy	2341	CATAATCAAGATTTCTTTTAAAGATTTACCATACATTTGATNGTTCTTATCGAGT	2400	Qy	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGGAATGGAACAAGATAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480
Db	2341	CATAATCAAGATTTCTTTTAAAGATTTACCATACATTTGATNGTTCTTATCGAGT	2400	Db	3421	GAGAGAGAGAACTATCAATGGAATGGAACAAGATAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480
Qy	2401	AAAAATATCTTCAGGCAATTTGACCAAGCATGGAATGAGCATGTTCAATGAAACACCT	2460	Qy	3481	ATTAATCACTGTAATTTTAACTTGTCTTAATGATTTTACGCTATGTTGCTGCAATTC	3540
Db	2401	AAAAATATCTTCAGGCAATTTGACCAAGCATGGAATGAGCATGTTCAATGAAACACCT	2460	Db	3481	ATTAATCACTGTAATTTTAACTTGTCTTAATGATTTTACGCTATGTTGCTGCAATTC	3540
Qy	2461	GTTCAATTTGCTGCTTCCAAAACAAGATATCTTCTCAAGCAATACCTTTTCAGGT	2520	Qy	3541	TTTAACTGTTCTTAAAGATATTAATATATTTGAAAGAGGTGCAAAATGATCAATTT	3600
Db	2461	GTTCAATTTGCTGCTTCCAAAACAAGATATCTTCTCAAGCAATACCTTTTCAGGT	2520	Db	3541	TTTAACTGTTCTTAAAGATATTAATATATTTGAAAGAGGTGCAAAATGATCAATTT	3600
Qy	2521	CCATGCAAGATCTTCAATTTAGTAAAGGTAGCATGATTTATTTATATCCCTTTGTT	2580	Qy	3601	TTAGAGATTCGACCAATATTTAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGACATCTTTGCTTG	3660
Db	2521	CCATGCAAGATCTTCAATTTAGTAAAGGTAGCATGATTTATTTATATCCCTTTGTT	2580	Db	3601	TTAGAGATTCGACCAATATTTAGTTTATGTAATCTAATTTTCAGACATCTTTGCTTG	3660
Qy	2581	AGCAATATATATCTGCTTATGACAAAATTTAAGAAAGTATCAAGATGATTAACAA	2640	Qy	3661	TACTGATCATTTGTTACCTTTTCTTCAATGACGCAATGAGGATGCAACACGATAC	3720
Db	2581	AGCAATATATATCTGCTTATGACAAAATTTAAGAAAGTATCAAGATGATTAACAA	2640	Db	3661	TACTGATCATTTGTTACCTTTTCTTCAATGACGCAATGAGGATGCAACACGATAC	3720
Qy	2641	TGAATTTTCCGTCATTAATTTAGCGGATTAAGAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA	2700	Qy	3721	GTTAATGCAATTTGATTTGAATTAATAAAAGCTAAATATATTTGAATTTAATGA	3780
Db	2641	TGAATTTTCCGTCATTAATTTAGCGGATTAAGAGAAATATCAAAATGTTATGTTAGCTA	2700	Db	3721	GTTAATGCAATTTGATTTGAATTAATAAAAGCTAAATATATTTGAATTTAATGA	3780
Qy	2701	TGACAACTTATGCTATGATTTAGCTATGTAAGAAAGTTGATGCTAATTTCTATTTTCTT	2760	Qy	3781	AAAGTTAATAATTTCTTAATTTTGGCAGAGCACTATTAACCTTGCATTAATTAATAGT	3840
Db	2701	TGACAACTTATGCTATGATTTAGCTATGTAAGAAAGTTGATGCTAATTTCTATTTTCTT	2760	Db	3781	AAAGTTAATAATTTCTTAATTTTGGCAGAGCACTATTAACCTTGCATTAATTAATAGT	3840
Qy	2761	TGTAGATTAAGATATTTGAAAACAATGATTAATTAATTAATGCTTATTAATTAATG	2820	Qy	3841	GTAATTTTAAAGATTAATAAGTGTTTAGTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAACATATT	3900
Db	2761	TGTAGATTAAGATATTTGAAAACAATGATTAATTAATTAATTAATGCTTATTAATTAATG	2820	Db	3841	GTAATTTTAAAGATTAATAAGTGTTTAGTGAACAAAATTTAGATTTCAAAAACATATT	3900
Qy	2821	TCAATGATAGTCAAACTAAAGAACTGTCAAAAGAAAATTAAGAAAGAAATATTTATTTT	2880	Qy	3901	TGAAAATTAATTAATTAATTTGCAATTTTTCGATATCAATATGATTAATAAAATATTAAGTTA	3960
Db	2821	TCAATGATAGTCAAACTAAAGAACTGTCAAAAGAAAATTAAGAAAGAAATATTTATTTT	2880	Db	3901	TGAAAATTAATTAATTAATTTGCAATTTTTCGATATCAATATGATTAATAAAATATTAAGTTA	3960
Qy	2881	TAAATTAATTAATTAAGAAAATATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2940	Qy	3961	AAAGTTCTTATGATTTGATCTTAAATAATTAATAATCATGACAAACATGTAACGAGAAA	4020
Db	2881	TAAATTAATTAATTAAGAAAATATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2940	Db	3961	AAAGTTCTTATGATTTGATCTTAAATAATTAATAATCATGACAAACATGTAACGAGAAA	4020
Qy	2941	TCTATGCGGATTAAGATATTTATATATGTAAGAAAACAGCACTACATATCTTAATTA	3000	Qy	4021	GTAATTAACAATACTCTTCAAGTGAATGATTTGTACACACCTCAAAAACCTACGTT	4080
Db	2941	TCTATGCGGATTAAGATATTTATATATGTAAGAAAACAGCACTACATATCTTAATTA	3000	Db	4021	GTAATTAACAATACTCTTCAAGTGAATGATTTGTACACACCTCAAAAACCTACGTT	4080
Qy	3001	GTCATCAATATGATATTAATAAAATATAGTGTAGCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTTT	3060	Qy	4081	TTCTTGATTTAATTTTCCATATTTCTTTTAATAGTAATCAAAAGGCTATTAAGTTCTGCAA	4140
Db	3001	GTCATCAATATGATATTAATAAAATATAGTGTAGCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTTT	3060	Db	4081	TTCTTGATTTAATTTTCCATATTTCTTTTAATAGTAATCAAAAGGCTATTAAGTTCTGCAA	4140
Qy	3061	GTTGGGATGATGATCCAGAGGTTGTTCCAGACCTTGTCTTAATAAAAGTTTCTTCT	3120	Qy	4141	AATCTATACATTTGGAACCTATCTTTGACGCTCGTACATTCGAGATCGTTGAACAATG	4200
Db	3061	GTTGGGATGATGATCCAGAGGTTGTTCCAGACCTTGTCTTAATAAAAGTTTCTTCT	3120	Db	4141	AATCTATACATTTGGAACCTATCTTTGACGCTCGTACATTCGAGATCGTTGAACAATG	4200
Qy	3121	AAATTAAGTTGAAAGAAATGTTATATGATGAAAAATGAAAGAAACATCAATATTA	3180	Qy	4201	GATGAATGATTAATTTAACTTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAAG	4260
Db	3121	AAATTAAGTTGAAAGAAATGTTATATGATGAAAAATGAAAGAAACATCAATATTA	3180	Db	4201	GATGAATGATTAATTTAACTTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAAG	4260

QY	4261	CCTTAACCTTCTGGAATTGCAAAAATTGGAAGTAATACTTAAGAGTAAATGChC	4320
Db	4261	CCTTAACCTTCTGGAATTGCAAAAATTGGAAGTAATACTTAAGAGTAAATGChC	4320
QY	4321	AACAAATTCATATCAAAATTTAGTCATGCACTAATGTGTAGCTCAAAATTTGATGATCA	4380
Db	4321	AACAAATTCATATCAAAATTTAGTCATGCACTAATGTGTAGCTCAAAATTTGATGATCA	4380
QY	4381	ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAAAATAGTGAAGTCCATGTATCAAAATCTCAATATATTC	4440
Db	4381	ATGCTTCAGCAAAAGAGCCCAAAATAGTGAAGTCCATGTATCAAAATCTCAATATATTC	4440
QY	4441	AAATATCTGATCTATTTATTTGGAACAGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA	4500
Db	4441	AAATATCTGATCTATTTATTTGGAACAGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA	4500
QY	4501	ATTAGAAAAAAAAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTT	4560
Db	4501	ATTAGAAAAAAAAGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTT	4560
QY	4561	TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGTGAGGCCAATA	4620
Db	4561	TTATAGTGATGATTTGATTTTCAATTTGTTCTGATCTCAAAATGTGAGGCCAATA	4620
QY	4621	TTACTTGTGTCAGGTCATGATATAGGTAATCTTATTTTACAAATATATCTGTTCCAT	4680
Db	4621	TTACTTGTGTCAGGTCATGATATAGGTAATCTTATTTTACAAATATATCTGTTCCAT	4680
QY	4681	TTTCTCTATTTCAATAAAGATAGTATGATATATATATATATATATATATATATATAT	4740
Db	4681	TTTCTCTATTTCAATAAAGATAGTATGATATATATATATATATATATATATATATAT	4740
QY	4741	TATTTGGCAATTTTCTCTGTCTTATTTGTTATGACTTACGACAAATATTTAGGCGC	4800
Db	4741	TATTTGGCAATTTTCTCTGTCTTATTTGTTATGACTTACGACAAATATTTAGGCGC	4800
QY	4801	TTTGGATGGGCAATTAAGAAGCTTTAAATAGTACTTTTAAAGTTGAACTTAT	4860
Db	4801	TTTGGATGGGCAATTAAGAAGCTTTAAATAGTACTTTTAAAGTTGAACTTAT	4860
QY	4861	TTTAAATTAAGCACTTATCGGTTTGGATTAAGAAGTGTGATGTCAAACGGAA	4920
Db	4861	TTTAAATTAAGCACTTATCGGTTTGGATTAAGAAGTGTGATGTCAAACGGAA	4920
QY	4921	AAGGAAAAATGGAAGAAAGAAATGTTAGGTTATATGCGTTATTTGTATTAATAATTA	4980
Db	4921	AAGGAAAAATGGAAGAAAGAAATGTTAGGTTATATGCGTTATTTGTATTAATAATTA	4980
QY	4981	AGCACAAAAAAGATTAATAATGTGTCACACTTAATAACACTTAATAGCTACCTTACC	5040
Db	4981	AGCACAAAAAAGATTAATAATGTGTCACACTTAATAACACTTAATAGCTACCTTACC	5040
QY	5041	CCAGCTTTTAACTTTGGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAACTTAAATTAAGTTGT	5100
Db	5041	CCAGCTTTTAACTTTGGCTTAAATTAAGTTTATTTTAAACTTAAATTAAGTTGT	5100
QY	5101	TTGAGTATGTCGCAAAAGAGCTTAATTAATGCAAAACAGCTTTTAAGTCGTTGACGAC	5160
Db	5101	TTGAGTATGTCGCAAAAGAGCTTAATTAATGCAAAACAGCTTTTAAGTCGTTGACGAC	5160
QY	5161	TTTTAAAGTGAAGCAACAGGCTTTAAATGTCTGTAGATGTGCTATATATTTTGA	5220
Db	5161	TTTTAAAGTGAAGCAACAGGCTTTAAATGTCTGTAGATGTGCTATATATTTTGA	5220
QY	5221	GCCTTTTGAAGTATATATATCTTTAAGTTCAACATTAATATCATGCTTTTACATAG	5280
Db	5221	GCCTTTTGAAGTATATATATCTTTAAGTTCAACATTAATATCATGCTTTTACATAG	5280
QY	5281	CACATATAGTTATCAAAAGAGCAAAATGATGATATTTTGGAAATTTGATATTTTCA	5340
Db	5281	CACATATAGTTATCAAAAGAGCAAAATGATGATATTTTGGAAATTTGATATTTTCA	5340
QY	5341	GAAGAAGATAGTCAAAAGTATCAATTTCAATGAAATTTGAAGATATCAATAAT	5400
Db	5341	GAAGAAGATAGTCAAAAGTATCAATTTCAATGAAATTTGAAGATATCAATAAT	5400
QY	5401	TAGAAGATCAATATTTAGAGGATCAAAAATGTTATTTACTTATTTAAATATCTCAT	5460
Db	5401	TAGAAGATCAATATTTAGAGGATCAAAAATGTTATTTACTTATTTAAATATCTCAT	5460
QY	5461	TTTCATATTTAAATTAATAATTAAGATGTTTATATATATATATATATATATATAT	5520
Db	5461	TTTCATATTTAAATTAATAATTAAGATGTTTATATATATATATATATATATATAT	5520
QY	5521	TTGACGAATGTGCTTTTGGTATCTATATCTTTGAAATATTTGCTATATTTTCTCT	5580
Db	5521	TTGACGAATGTGCTTTTGGTATCTATATCTTTGAAATATTTGCTATATTTTCTCT	5580
QY	5581	TTTTATTTTTCATGGAATTAATAATTTGAAGCTTATAGATCTGGAATTTCAAGCTTAT	5640
Db	5581	TTTTATTTTTCATGGAATTAATAATTTGAAGCTTATAGATCTGGAATTTCAAGCTTAT	5640
QY	5641	GTCATATGTTACTGTAAATGAAGCCAAATTAATCGGTGCCAAAAATGAGTTAGATCAA	5700
Db	5641	GTCATATGTTACTGTAAATGAAGCCAAATTAATCGGTGCCAAAAATGAGTTAGATCAA	5700
QY	5701	GACTGGCAGTACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCATTTTATTTT	5760
Db	5701	GACTGGCAGTACCTCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAGGCCATTTTATTTT	5760
QY	5761	TTAAATTTTATTTGCAATATCAATATTAAGATTAATTTGATTTGATTTGAAATTTAT	5820
Db	5761	TTAAATTTTATTTGCAATATCAATATTAAGATTAATTTGATTTGATTTGAAATTTAT	5820
QY	5821	ATTGGAATTAATATGATATTTTACTAGCTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTTGAG	5880
Db	5821	ATTGGAATTAATATGATATTTTACTAGCTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTTGAG	5880
QY	5881	AACTTCAGATTTATTTACTGTAAGTAAATGTTGCTTGTATTAAGTTGCT	5940
Db	5881	AACTTCAGATTTATTTACTGTAAGTAAATGTTGCTTGTATTAAGTTGCT	5940
QY	5941	TTATCAAGTTTGGTCAATGATTAACCAAACTTATATATGAAAAAGGGCTGCAACGCCG	6000
Db	5941	TTATCAAGTTTGGTCAATGATTAACCAAACTTATATATGAAAAAGGGCTGCAACGCCG	6000
QY	6001	GCCACTGTGCTGTATCATATAGGAAGATCTGCTGTTTATTCAGATGACGTTCT	6060
Db	6001	GCCACTGTGCTGTATCATATAGGAAGATCTGCTGTTTATTCAGATGACGTTCT	6060
QY	6061	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6120
Db	6061	TGTTGAATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6120
QY	6121	TGTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6180
Db	6121	TGTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6180
QY	6181	GAATGCAAGCGTTAAGTATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6240
Db	6181	GAATGCAAGCGTTAAGTATCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	6240
QY	6241	CCATGTTATCAACAGGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6300
Db	6241	CCATGTTATCAACAGGTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6300
QY	6301	AAATCACTTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6360
Db	6301	AAATCACTTACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6360
QY	6361	AGATTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6420
Db	6361	AGATTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	6420
QY	6421	TGACATATGCTCAAAAACTTGTATTAAGTAACTGAATATCAATAAATAATGTTAGA	6480

Db 6421 TGGAGCTATGCTTAAATCTGTTAAAGTAACTGATATCATTAAGAAAAATGTTAGA 6480
Qy 6481 TTTATATCTAAATTTTATTAATTAATTAAGCTTATCTAATATTTTGTATGTAAGTTG 6540
Db 6481 TTTATATCTAAATTTTATTAATTAATTAAGCTTATCTAATATTTTGTATGTAAGTTG 6540
Qy 6541 AGAAACATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
Db 6541 AGAAACATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6600
Qy 6601 TCAATCATGACTACACAAAGCAATATGAGATTTCTCAACATATATGATGAGTCAATTT 6660
Db 6601 TCAATCATGACTACACAAAGCAATATGAGATTTCTCAACATATATGATGAGTCAATTT 6660
Qy 6661 CAAAACGAATCAATATATGATATATCTTAAAGAGGCTTTGGGTTAAATTAAGTA 6720
Db 6661 CAAAACGAATCAATATATGATATATCTTAAAGAGGCTTTGGGTTAAATTAAGTA 6720
Qy 6721 AAAATCATTAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6780
Db 6721 AAAATCATTAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6780
Qy 6781 GTTCAGATTTTCAAGCTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCAAG 6840
Db 6781 GTTCAGATTTTCAAGCTTCAAGTGAAGAAATGTGTATGAGATATCAAGGCAAG 6840
Qy 6841 TGCACAAAGGTGCGCTTAAATTTGATGACACAACTTTCAATGTAAGAAATTAAT 6900
Db 6841 TGCACAAAGGTGCGCTTAAATTTGATGACACAACTTTCAATGTAAGAAATTAAT 6900
Qy 6901 AATGGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6960
Db 6901 AATGGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 6960
Qy 6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACACAGCTTCACTAGAAATTTGAGA 7020
Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATCTGAACATGTTACACACAGCTTCACTAGAAATTTGAGA 7020
Qy 7021 GGATGAAGCTCTTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Db 7021 GGATGAAGCTCTTTTGTATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Qy 7081 ATGATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Db 7081 ATGATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Qy 7141 CGGATGAAGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7200
Db 7141 CGGATGAAGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7200
Qy 7201 TTTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Db 7201 TTTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Qy 7261 TGGATTTCTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Db 7261 TGGATTTCTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Qy 7321 TATTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Db 7321 TATTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Qy 7381 GTCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
Db 7381 GTCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7440
Qy 7441 AGTGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7500
Db 7441 AGTGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 7500

RESULT 3

US-10-691-374-49
; Sequence 49, Application US/10691374
; Publication No. US20040250322A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: McCallum, Claire
; APPLICANT: Slade, Ann J.
; APPLICANT: Colbert, Trent
; APPLICANT: Knaf, Vic
; APPLICANT: Anawab Inc.
; TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non-
; FILE REFERENCE: MEMB 02-276
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 49
; LENGTH: 7456
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lycopersicon esculentum
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1479)..(1757)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (2416)..(2547)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (3327)..(3491)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (3696)..(3716)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (4260)..(4467)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (4567)..(4648)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (5602)..(5710)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (6139)..(6255)
; OTHER INFORMATION:
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (6788)..(7045)
; OTHER INFORMATION:
; US-10-691-374-49
Query Match 100.0%; Score 7454.4; DB 18; Length 7456;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 7455; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;
Qy 1 AAGCTTTTAAAGGCAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Db 1 AAGCTTTTAAAGGCAATTTGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Qy 61 TAAAGCACTTAAGAAACGATAGTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Db 61 TAAAGCACTTAAGAAACGATAGTTGAAGTTACCAATGCGCTATATTAATCAACT 120
Qy 121 TGAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Db 121 TGAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180

QY 181 ATGGTCAAAAACCTACCGTCGTCACCTATGATCCAAAATTAATATATATCCACTT 240
DB 181 ATGGTCAAAAACCTACCGTCGTCACCTATGATCCAAAATTAATATATATCCACTT 240
QY 241 TGGTTTAAATTTGACTACTTATATATAACAATTCCTAAATTTAACTATTTATACCTTTA 300
DB 241 TGGTTTAAATTTGACTACTTATATATAACAATTCCTAAATTTAACTATTTATACCTTTA 300
QY 301 AAAATCATGGCGGTCAAAATATTTAATATATTAATTTATAGATATCATTTATAACCA 360
DB 301 AAAATCATGGCGGTCAAAATATTTAATATATTAATTTATAGATATCATTTATAACCA 360
QY 361 ACCAATCACTCAATCAATTAATCAATTAATCCACCCTAATTCATCAATCAATTCCT 420
DB 361 ACCAATCACTCAATCAATTAATCAATTAATCCACCCTAATTCATCAATCAATTCCT 420
QY 421 AAAACCTACTAAAACAAGCAAAATTTGTCGAGTCGGAATCGAAGCACCAATCTAATTTA 480
DB 421 AAAACCTACTAAAACAAGCAAAATTTGTCGAGTCGGAATCGAAGCACCAATCTAATTTA 480
QY 481 GGTGAGCCGATATTTAGAGAGACCTTCAATATATATTTTTCAGCAAGATTTGA 540
DB 481 GGTGAGCCGATATTTAGAGAGACCTTCAATATATATTTTTCAGCAAGATTTGA 540
QY 541 AATTTAAGATTATATGTAAGAAAGTAGTACACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
DB 541 AATTTAAGATTATATGTAAGAAAGTAGTACACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATA 600
QY 601 TAAATATATATAATTTATGATTTGTTTAAATTTAAATTTAACTGAATATATTTTAA 660
DB 601 TAAATATATATAATTTATGATTTGTTTAAATTTAAATTTAACTGAATATATTTTAA 660
QY 661 AAAAATATCTATTAAGTACATCAATTAATTTAGACGAGAGATATTAAGATGAACATA 720
DB 661 AAAAATATCTATTAAGTACATCAATTAATTTAGACGAGAGATATTAAGATGAACATA 720
QY 721 GGTGTTAATTTAGATAGAGAGATTTTAAATTTTAAATTTATATCAATTAAGTTAA 780
DB 721 GGTGTTAATTTAGATAGAGAGATTTTAAATTTTAAATTTATATCAATTAAGTTAA 780
QY 781 TTATATCAAAATATTTGAGCGCATGTATTTTAAATTTAAATTTAAATTTGATTTAA 840
DB 781 TTATATCAAAATATTTGAGCGCATGTATTTTAAATTTAAATTTAAATTTGATTTAA 840
QY 841 ACCGTGATTAATGATGATTTTGAACCCAAAAGTGATGAGAGGGTATTTAGAGCC 900
DB 841 ACCGTGATTAATGATGATTTTGAACCCAAAAGTGATGAGAGGGTATTTAGAGCC 900
QY 901 AATAGGGGAGATGAGAGATATTTGAAAGCAATATGATGATGAGAGATATTTTGT 960
DB 901 AATAGGGGAGATGAGAGATATTTGAAAGCAATATGATGATGAGAGATATTTTGT 960
QY 961 ATCATTTCTAATCTTTTAAAGATATTTAGTCAATTTCCCTCTTTAGTTATAGACTA 1020
DB 961 ATCATTTCTAATCTTTTAAAGATATTTAGTCAATTTCCCTCTTTAGTTATAGACTA 1020
QY 1021 TAGGTATGATTCGCAATCATCTATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATTTTATA 1080
DB 1021 TAGGTATGATTCGCAATCATCTATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATTTTATA 1080
QY 1081 AATTTTAAATTAATATATTTTTCATTTAATCTTGAATTTGAATTTTAAAAA 1140
DB 1081 AATTTTAAATTAATATATTTTTCATTTAATCTTGAATTTGAATTTTAAAAA 1140
QY 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTAAACAAGATTTGTAACATATATTTTAAAA 1200
DB 1141 TTACCAACATTAATTAATTAATTTTAAACAAGATTTGTAACATATATTTTAAAA 1200
QY 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATGACCAAAAAATTTGAGAC 1260
DB 1201 TTAATCAAAATTAATTTTAAACATCATATTAAGAAATGACCAAAAAATTTGAGAC 1260

QY 1261 GGGAGAAACAGAGCCAGACAAAATGTCAGAGAACTTTTGGTAAATATCTATCATC 1320
DB 1261 GGGAGAAACAGAGCCAGACAAAATGTCAGAGAACTTTTGGTAAATATCTATCATC 1320
QY 1321 CAATCTAATTAATTAATCCATTTAACAATTAACATATTTGACCAACTCAAAACCTTAAATC 1380
DB 1321 CAATCTAATTAATTAATCCATTTAACAATTAACATATTTGACCAACTCAAAACCTTAAATC 1380
QY 1381 TATTAATAGACAAACCTTCCATACCTCTATATCATTAATAAAAAATATATCTTTTCAA 1440
DB 1381 TATTAATAGACAAACCTTCCATACCTCTATATCATTAATAAAAAATATATCTTTTCAA 1440
QY 1441 TAGACAACTTTAAAAACATACATATTAACAATATATCATGTTATCCAAAGAAATAGTA 1500
DB 1441 TAGACAACTTTAAAAACATACATATTAACAATATATCATGTTATCCAAAGAAATAGTA 1500
QY 1501 TTCTCTCTCATATTAATTTTGGTTCATGCAATTTGCACTTGTAAGACATATTTATTG 1560
DB 1501 TTCTCTCTCATATTAATTTTGGTTCATGCAATTTGCACTTGTAAGACATATTTATTG 1560
QY 1561 ATGACAAATTTATCAAAAGTTTATGATATATTTCTGGAACAAGATTTGCTATGAT 1620
DB 1561 ATGACAAATTTATCAAAAGTTTATGATATATTTCTGGAACAAGATTTGCTATGAT 1620
QY 1621 TTCAAGCTATCTTTCTTTTGGAGCAAAAATTTGAAAGCAATATATTTGAACAAG 1680
DB 1621 TTCAAGCTATCTTTCTTTTGGAGCAAAAATTTGAAAGCAATATATTTGAACAAG 1680
QY 1681 TTGATTAATTAATGAGATTAAGATTAATGATTAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAA 1740
DB 1681 TTGATTAATTAATGAGATTAAGATTAATGATTAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAA 1740
QY 1741 AAAACATTAATTAATTTGATATTTAAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAAATG 1800
DB 1741 AAAACATTAATTAATTTGATATTTAAATTTGGAATATATTTGGGGATGAAAATG 1800
QY 1801 ATAGAGAAATTAATTAATTTGGAAGATGAAAAGTTATTTTAAATTAATTAAGAAAT 1860
DB 1801 ATAGAGAAATTAATTAATTTGGAAGATGAAAAGTTATTTTAAATTAATTAAGAAAT 1860
QY 1861 AATTTCTGTTTTAGATTAAGGTGAATAGTTCTCGTTAAGCAGGAGAAAGCTAT 1920
DB 1861 AATTTCTGTTTTAGATTAAGGTGAATAGTTCTCGTTAAGCAGGAGAAAGCTAT 1920
QY 1921 TTTCATGATACGTATTTTCTTTTAACTTTTAAACGTCATATATTTGCTATCTC 1980
DB 1921 TTTCATGATACGTATTTTCTTTTAACTTTTAAACGTCATATATTTGCTATCTC 1980
QY 1981 AAGAAATAGACATTAATTAATGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGATATTTTG 2040
DB 1981 AAGAAATAGACATTAATTAATGATGATTTAGTCTCGAAAAGAAATGATATTTTG 2040
QY 2041 CTTAATTAATTAATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAGCGTAA 2100
DB 2041 CTTAATTAATTAATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATTAACAAGCGTAA 2100
QY 2101 CCAATTAATGAGGCTCTAGAAATTAAGAGTAACTTATCAATTTCTTAACCTTAATTA 2160
DB 2101 CCAATTAATGAGGCTCTAGAAATTAAGAGTAACTTATCAATTTCTTAACCTTAATTA 2160
QY 2161 TTTTGTGAAAACCTCGACAAAACGAAACAAACGTAATCAACTTTATATTTGGAAATGG 2220
DB 2161 TTTTGTGAAAACCTCGACAAAACGAAACAAACGTAATCAACTTTATATTTGGAAATGG 2220
QY 2221 AGACCAACATATGAAACCTGACACATGCAATATGCTTAATATATATTTTCTTA 2280
DB 2221 AGACCAACATATGAAACCTGACACATGCAATATGCTTAATATATATTTTCTTA 2280
QY 2281 AAAAATATCTTCAATCATACATATTAAGAAATTTGAAATTTGCTTATCTATGACAA 2340
DB 2281 AAAAATATCTTCAATCATACATATTAAGAAATTTGAAATTTGCTTATCTATGACAA 2340
QY 2341 CATATCAAGAGTTTCTTTTAAAGATTTTACCATCATTTGGTATGTTCTTATGCTGT 2400

Db	2341	CATATACAAAGGTTCTTTTAAAGAAATTACCACTACATTTGGTATGTTCTTATCGGTT	2400
Qy	2401	AAAATTATCTTACAGGCACTTTGAGCAAGCAATGGAATAGACATGTTCAATCTAAGACCT	2460
Db	2401	AAAATTATCTTACAGGCACTTTGAGCAAGCAATGGAATAGACATGTTCAATCTAAGACCT	2460
Qy	2461	GTTCAATTTTGCTGCTTAAACAAAGAAATATCTTCTCAGCAAAATCACTTTTCAGGT	2520
Db	2461	GTTCAATTTTGCTGCTTAAACAAAGAAATATCTTCTCAGCAAAATCACTTTTCAGGT	2520
Qy	2521	CCATGCAAGATCTTCTATTTTCAGTAAAGGTTAGCATATTGATTTATATCTCTTTGTT	2580
Db	2521	CCATGCAAGATCTTCTATTTTCAGTAAAGGTTAGCATATTGATTTATATCTCTTTGTT	2580
Qy	2581	AGCAATATATATCTGCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATCAAAAGATAGATTAACAA	2640
Db	2581	AGCAATATATATCTGCTGTTTATGACAAATTTTAAAGAAATCAAAAGATAGATTAACAA	2640
Qy	2641	TGAATTTTTCGTCACTAAATTTAGCGGATTTAGTGAAGATTTACAAAATGTTATGTAGCTA	2700
Db	2641	TGAATTTTTCGTCACTAAATTTAGCGGATTTAGTGAAGATTTACAAAATGTTATGTAGCTA	2700
Qy	2701	TGAGCAACTTACCTATGATTAAGTCTAGTGAAGAAATTGATGCTAATCTATTTTTTTT	2760
Db	2701	TGAGCAACTTACCTATGATTAAGTCTAGTGAAGAAATTGATGCTAATCTATTTTTTTT	2760
Qy	2761	TGTAAGAGTAAAGATTTTGGAAACAATGATTTAATTTATATGCTAAATTAATATAG	2820
Db	2761	TGTAAGAGTAAAGATTTTGGAAACAATGATTTAATTTATATGCTAAATTAATATAG	2820
Qy	2821	TCAATGATAGTTCAAACTTAAAGAACTGCAAAAAGAAATAGAAAGAAATTTTATTTT	2880
Db	2821	TCAATGATAGTTCAAACTTAAAGAACTGCAAAAAGAAATAGAAAGAAATTTTATTTT	2880
Qy	2881	TAAAATAAATTTAAAGAAATTTGAGAAATTAATTTCAAAAGCGAAGGATTTACATTA	2940
Db	2881	TAAAATAAATTTAAAGAAATTTGAGAAATTAATTTCAAAAGCGAAGGATTTACATTA	2940
Qy	2941	TCTATGGGGATTAAGGATTTATATATGTTATGTAAGAAACAGCACTACACATATCTAATTA	3000
Db	2941	TCTATGGGGATTAAGGATTTATATATGTTATGTAAGAAACAGCACTACACATATCTAATTA	3000
Qy	3001	GTCCTCATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3060
Db	3001	GTCCTCATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3060
Qy	3061	GTGGGGATAGATCGATCCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAAAAAATGTTTTTCT	3120
Db	3061	GTGGGGATAGATCGATCCAGAGGTTGTTCCAGACTCTTGCTTAAAAAAATGTTTTTCT	3120
Qy	3121	AAATTAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAAAAATAGAAAGAAACATATCAATTTTA	3180
Db	3121	AAATTAAGTTTGAAGAAATGTTATATGATGAAAAATAGAAAGAAACATATCAATTTTA	3180
Qy	3181	AAATTAATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA	3240
Db	3181	AAATTAATTAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA	3240
Qy	3241	TTTAGTGCTTTTCGTTAACAATACTTAAGTTTATCAATGTTTCTTTAATTTCCCTCTC	3300
Db	3241	TTTAGTGCTTTTCGTTAACAATACTTAAGTTTATCAATGTTTCTTTAATTTCCCTCTC	3300
Qy	3301	TATTTTTTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3360
Db	3301	TATTTTTTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	3360
Qy	3361	CAGACTACAAAGATAGAAAGGCTTTGGATGCTTTGATGTTAGTTCAAAATTTTATGTTGG	3420
Db	3361	CAGACTACAAAGATAGAAAGGCTTTGGATGCTTTGATGTTAGTTCAAAATTTTATGTTGG	3420
Qy	3421	GAGAGAGGAACTATCAATGCAATGAGCAAGATAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480
Db	3421	GAGAGAGGAACTATCAATGCAATGAGCAAGATAGTGGCCAAAGTTCTTGCAAAATTA	3480

Db 6721 AAATCTTAACTTAAAAAAATCTAACTCATCTCTCAACATTAATTAATCACCTT 6780
Qy 6781 GTTCACATTTTCAGCAGTCAAGTGAAGAAATGCTGTAAAGAAATTCAGAGGACAG 6840
Db 6781 GTTCACATTTTCAGCAGTCAAGTGAAGAAATGCTGTAAAGAAATTCAGAGGACAG 6840
Qy 6841 TGCACAAAGGCTGCTCAATTAATTTGATGACAGCAAACTTTCATGTGAGAAATTAAT 6900
Db 6841 TGCACAAAGGCTGCTCAATTAATTTGATGACAGCAAACTTTCATGTGAGAAATTAAT 6900
Qy 6901 AATGAGAAATTAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGCTTACGTCAGAAA 6960
Db 6901 AATGAGAAATTAATTAATTTAGTAGGGGAAAGTGAAGAAACATCAGAGCTTACGTCAGAAA 6960
Qy 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGAGA 7020
Db 6961 TGTCCATTTTAAACAATGCTGACATGTTACACCACTGCACTTCACTAGAAAATTTGAGA 7020
Qy 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Db 7021 GGAATGAAGCTCTTTGTATATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7080
Qy 7081 ATGATATATCAACAATAAACAATCTATCTATGATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Db 7081 ATGATATATCAACAATAAACAATCTATCTATGATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 7140
Qy 7141 CGAATGAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7200
Db 7141 CGAATGAAGCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7200
Qy 7201 TTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Db 7201 TTGATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7260
Qy 7261 TGGATTTCTTGTGAACTATATATGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Db 7261 TGGATTTCTTGTGAACTATATATGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7320
Qy 7321 TATTTGTATATGATACATATATATCTTTCATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Db 7321 TATTTGTATATGATACATATATATCTTTCATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7380
Qy 7381 GTCATTAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Db 7381 GTCATTAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 7440
Qy 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456
Db 7441 AGTGAATATTAAGAG 7456

RESULT 4
US-09-782-130-26
; Sequence 26, Application US/09782130
; Publication No. US2004005038A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: KNAUF, VIC C.
; APPLICANT: KIDUL, JEAN C.
; TITLE OF INVENTION: METHODS AND COMPOSITIONS FOR REGULATED TRANSCRIPTION
; TITLE OF INVENTION: AND EXPRESSION OF HETEROLOGOUS GENES
; FILE REFERENCE: 16518.052
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/782,130
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/232,861
; PRIOR FILING DATE: 1999-01-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/812,665
; PRIOR FILING DATE: 1997-03-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/484,941
; PRIOR FILING DATE: 1995-06-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/105,852
; PRIOR FILING DATE: 1993-08-10
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/526,123

Qy 1 AACCTCTTAAAGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Db 1 AACCTCTTAAAGCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 60
Qy 61 TAAAGCCTTAAGAAACCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 120
Db 61 TAAAGCCTTAAGAAACCAATGATTAATTTGAAGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 120
Qy 121 TGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Db 121 TGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 180
Qy 181 ATGATCAAAATCAATCAATCCGTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 240
Db 181 ATGATCAAAATCAATCAATCCGTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 240
Qy 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
Db 241 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 300
Qy 301 AAAATCAATGCGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Db 301 AAAATCAATGCGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 360
Qy 361 ACCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 420
Db 361 ACCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 420
Qy 421 AAACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 480
Db 421 AAACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 480
Qy 481 GGTGAGCGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 540
Db 481 GGTGAGCGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 540
Qy 541 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 600
Db 541 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 600
Qy 600 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
Db 600 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 659
Qy 660 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 718
Db 660 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 718
Qy 719 TAGTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 778
Db 719 TAGTGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 778

D	b		466	AAATTTAAAAATTATTTTAAATAAAAAAAAAAATTAAAATTATTAATATTTATTAATATTTAAATAT	525
O	y		465	GCACCAATCTAATTTAGGTGAGCGCATATTTTAGSAGACACTTCATAGTATTTTT	524
D	b		526	TATATATTTAAATTTAAATTTTAT--ATATATATTAATATGGTTTATTTAAATTTATT	582
O	y		525	TCAAGCATAATTTGAATTTTACATTTATGGTAAAGAAGTACACCAGATTAAATTC	584
D	b		583	ATATTTAATAATATATTTATTAATAAAAAATATATATTAATTTTAAATTTTAAAAATA	642
O	y		585	ATGCCCTTTTAAATATATATATTAATATTTATTTATGATTTGTTTAAATATTTAAACCTG	644
D	b		643	ATTTTAAATATTAATTTATTTAAAAAATAAAAAATAATTAATATTAATAAAAAATTTTT	702
O	y		645	AATATATATTTTAAAAAATAATCTATTAAGTACATCATATTTAGACAGCAGAT	704
D	b		703	TATATTTAAATTTTAAATTTTAAATAATTTATATTTATTAATTTAAATTTTTTAAAT	762
O	y		705	AATTBAGATGAACATAGTGTTTAAATTAGTAATGATGGGTAGTAATTTATTAATTT	764
D	b		763	TTAAATTAATAATTAATATATATTTATTAATATTAATTAATAATTTTAAATGATTA	822
O	y		765	ATATCAATACATTAATATTAACAATATTTGAGGCCATGATTT--TTAAAAATATA	822
D	b		823	TTTAAAAATATTTTATTAATAAAAAATGTTTTTTTATTTTTTTTATGATTAATAAAATTT	882
O	y		823	AATATGTTGAATTTTAAAAACGTTAGATPAATNGCTCAATTTTGAACCCAAAGTGATGA	882
D	b		883	TGTATTTATTTAAATTTATTTATTTATTTTGTGTTTTTGAATAAATTTTTTTTA	942
O	y		883	GAAAGGATTTTAAAGCCATAGGGGATGAAAGATATTTGAAGCCAATATGT----	938
D	b		943	AAATATTAATTTTATTTTATTTTATTTAATTAATGAATAAATATATATATATATATTTTAA	1002
O	y		939	-GATGATGAGAGATATTTTGTATCATTTCTTAATCTTTAAAGATATTTAGTCAATTT	997
D	b		1003	ATATATTTATTTTAAAAATTTTTTTATTTTATTTTAAATTTTGAATTTATTTAGTAATA	1062
O	y		998	TCCCTCTTTGTTAGTTATAGACTATPAGTGTTAGTTCATCGAATATCATCTATTTTDCGT	1057
D	b		1063	AAAAAATTTGTTTAAATTTGTTTTTTTTTTTAAAGTTTTAAAGTATATATTTGTTTT	1122
O	y		1058	CTTAATATTTTATTTTATTTTAAATTTTAAAAAATAATATTTTTCATTTAACTT	1117
D	b		1123	TTAATATTTTGTGATTTGAATTTGAATAATTTAAAA-----TTAATATATTTTGAT	1171
O	y		1118	TGATTTGATTAATTTTAAAAAATTTACAACATATATAATTAATATTTTAAACAAGA	1177
D	b		1172	TATATATTAATTTTATTTAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAAT	1231
O	y		1178	ATTGTAACATATATNTTTTTTAATATATCAAAATPAATTTTAAACATCATATTAABAG	1237
D	b		1232	AATTTTTTGAATVAAAAAATGTTATGTAATTTATTAATAT-----ATAAAAATG	1284
O	y		1238	AAATTCGACAAATAATTTGACGCGGAGNAGACAAGCAAAATATGTCAGAAATCT	1297
D	b		1285	TAAATTTTTTAAABAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAAT	1344
O	y		1298	CTTGCTGTAATAATCTCTCATCCAACTAATATATACCATTTCAATTACCAATTTG	1357
D	b		1345	AATTTAAATTTTAAATTTTATTAATAAATTTATTTTTTTTAAATATATATTTGATTT	1404
O	y		1358	ACCAACTAABCCCTTAAATCTATATATATGACAAACCTTCCATACCTTATCTATA	1417
D	b		1405	TTTTTTTTTATTTTTTATTTTTTTTTTAAAAAATAAAAAATTAATTTTTTTAATA	1464
O	y		1418	AAA--AAATATATATCTTTTTCATATAGACAAGTTTAAAAAACATACATATTAACATAT	1475
D	b		1465	AAATATATTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAAT	1524
O	y		1476	ATCATGTTATTCAAAGAAATATGATCTCTCTCATTAATTAATTTTGTTCATCAATTT	1535
D	b		1525	GTTAAAAAATTTTTTAAATTAATAATATTTTTTTTTAAAAA-ATTAATTTTAAATTAATTTT	1583

OY	1536	TCAACTGTAGAACAAATGTTATTGATGACAACTTATTCAACAAGTTTAATGATAATTT	1595
Db	1584	TTAATTATTAATTAAATTTTAAT-ATTTAAAAAATTGAATTAAGAATTGTAAAATT	1642
OY	1586	CTTGAAACAAGATTTCCTCATGATTTTCAGACTATCTTCTATTATGGCAAAATATT	1655
Db	1643	AAAAAAAAATTTTTTAATTAATGATBAAA--TTTTATTTTTTTAAAAATTAAAAAT	1700
OY	1656	GAAAGCAACAAATTAATATGACAGAGGTGATAAAAAATGGAGTTAAAGCATTAAATGACTT	1715
Db	1701	TBAATTATATATATATATATATATTTATTTATTTAATTTAAAAAATTAATAAAAA	1766
OY	1716	AGCTTTGAGCTAAGGGGTGATGAAAAACATATGATATATATTGTAACTTTTAAATATG	1779
Db	1761	ATTTTTTAAATTAATAAAATTAATAAATTAATGATGTAATATATTTAATTTAATTAAT	1820
OY	1776	GAATATATTTGTGGGATGAAAATGATRGAGATATAGAATTATTGGAAAGATGAAA	1835
Db	1821	ATAAAAATTTGTTTTAAAAAAMAAAAAAMAAAAAAMAAAAATTAATTAA--TTAAATTA	1877
OY	1836	GTTATATTTTAAAGTAGAAATTAATTTCTCGTTTTTTAGTATTAAGTGAAATGAGT	1895
Db	1878	TTTTTATTTTTTTATATATATAAAAATTTTATATAAAAAAMAAAAATTAATTAATTA	1937
OY	1896	TTCTGCTAAGCGAGAAAGCTATTTTCCATGCTAACTGATTTTTTTTTTACTTTTAA	1955
Db	1938	ATATATAATAAAAAATATATATTTTAAATATAAAAATTAATTAATTAATTTTAATTA	1997
OY	1956	TAAAGCTAAAGTATTGCTATACTCAAGATTAAGACCTTATATATGATGTTAGTCT	2015
Db	1998	ATTATATATAATTTTAATATATATTTAAAAATTAATTAATTTTAAAAATTTTAAATTTT	2057
OY	2016	CGAAABGAAATGATAGTAAATTTGCTAAATATAGATCAATCTATATATGATATTT	2075
Db	2058	AAAAATTTTATTAATAAAATTTTAAAAATTTATTAATAATATATTAATTAATTTAAT	2117
OY	2076	TTCAACCAAAATTAACAAGCTAATCCATATAGTGGGCTAGAAATTAAGATGAAGTTC	2135
Db	2118	AATTTTAAATTTTTTTATTTTATTTAATAAABAABAA---ATAAAAAAMAAAAAATTA	2173
OY	2136	TATTCATTTCTTAACTTATTTTAAATTTTATGTAACCTGCACAAAACGAACAACGTA	2195
Db	2174	AATTTTATTAATAAAATTTAAAAAATGAAAAAAMAAAAAAMAAAAAATTTTAATTT	2233
OY	2196	TTCAACCTTTATATGCGAATTTGAGACCAACATATAGAACCACTCACACATGCATNT	2255
Db	2234	TAAATAAAAATTTATTTTAAATTTTAAATTAATAAATTAATAAATTTTAAATTTT	2293
OY	2256	AGCTCAATATATATAATTTTCTTAAAAAATATCTCAATCTATACATTTGAAATATGA	2315
Db	2294	ATTATTTTTTAAAAATTTTATTAATTTTGTATTTAATTAATTTTATTTAATTTTAA	2353
OY	2316	AAAAATGACTTTTATCTATCGACACAACTPAATCAAGAGTTCTTTTAAAGATTTTCACTA	2379
Db	2354	ATATATATTTTTTTATTTTATTAADATTTATTAATTTTATTTATTTTGTGAATTAATA	2413
OY	2376	CATTTGGTATGTTCTTATCGGTAAAAATTAATCTTTCAGCAATTTGACAACATGGA	2435
Db	2414	AAAAAATATTTATTTAT--TTTAAAAATTAATTTTTTTTTTATTTATTAATATTT	2471
OY	2436	TGAAGCATGTCATCTGGAACACCGTTCATTTGTGCTCTPAAAAACAAGATTAATCT	2495
Db	2472	TTTATTTATTTGTTTAAAAAT--ATTAAAAATTTAATGAAAAATAAAAAATTAAT	2528
OY	2496	TCTCAAGCAATCACTTTTCAGGTCATGCAATCTTCTAATTTCACTAAAGTTAGCAT	2555
Db	2529	TAAATTAATAAATAATTAATAAAATTTAAATTAATAAATTTTAAATAAATAAATA	2588
OY	2556	ATTGATTTATTAATCCCTTTGTAGCAATATATATCTGTTTATGACAAAATTTAAG	2615
Db	2589	ATTAATGAAAAAATAATTAATATTAATAATTTTAAAAAAMAAAAAATTAATAAATG	2648

QY	2616	AAAGTATTCAAAGATAGATTAACAATGAAATTTTCGTCACTAATTTAGCGATTAGTGAG	2675
Db	2649	TTAAATTTTAAATTTTAAAAATATAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT	2708
QY	2676	AATTATCAAAATGTATGTAGCTATGAGCACTTACTGTGAAATTGCTATGTAAGAG	2735
Db	2709	TTTTTAAATA-----AAATAATTTGTTAAATAAATTAATTAATTAATTA	2749
QY	2736	TTTGAGCTAATCTAATTTTTTTTTTTTGTAGAGTAAGATATTTGAAACACATGATTT	2793
Db	2750	AATTAATAAAATATTTAAATTTGTTAATTTTAAATAATTTAAATGCAATTTGTTATTTAA	2809
QY	2794	ATTATTAATATGCTTAAATTAATATATGTCATATGCTGAAATGTCACAACTGTCAAA	2853
Db	2810	ATTGTTATTAAATATTAATGATATTTTTTTTATTAATAATTTAAAAATTTGAAATTAATTTTA	2869
QY	2854	AGAAATTAAGAAAGAAATTTTATTTTAAATTAATTAATAAGAAATTAATGAGAAATA	2913
Db	2870	TGAAAAAATTTTGTGAAAAAATTAATAATTTGAAAAATGAAAAAATGTTAAATTT	2929
QY	2914	AATTCAAACGAGAGGATTTACATATGCAATGCGGATTAAGATATTAATATGTAAG	2973
Db	2930	TTATGAAATGTAATAATTTTAATGATATATTTGTTAAAAAATAAAAAATTAATTA	2989
QY	2974	AAAAACAGCTCACATATCTAATAAGCTCATTAATGATATAAAAAATATAGTGTGA	3033
Db	2990	AAAAATGATATAATTTTAAAAATGATAGTTTAAATTTTAAATTAATTAATAAATAA	3049
QY	3034	GCACAGTATCCCTACAAAAAATTTTGCGGGTATGATCGATCCAGAGTGTTCACGA	3093
Db	3050	ATAAATGTAT-----AATGTGATCAAAATTTGAATTAATGTTATTTTATATG	3099
QY	3094	CTCTGCTTAAAAAATAGTTTTTTCTAATAATGTTGAAGAAATGTTATATGATGAAA	3153
Db	3100	TAAATTAATTAATAATTAATTTTAAAAATGAATTTATATGATGATGAAAAATGTTTT	3159
QY	3154	ATATGAGAAAAACATCATATTTAAAAATTAATAATTAATCAAAAGTAAACGAATATAC	3213
Db	3160	ATATATATATTTTAAATATAATATTTTAAATTAATAATTTGTGTGGAATGTGAATAA	3219
QY	3214	AATAGCAATTAATCTCATTAATGAAAAATTTAGGCTTTGCTTAACATATCTTAGTTT	3273
Db	3220	AATTTTAATTTTATTAATTTTAAAAATTAATTTGATTAATTAATTTTAAATTAATGATG	3279
QY	3274	ATTCATGTTCTTAAATTTCCCTCTAATTTTTTTTGAATTACTAATGACATTTTGG	3333
Db	3280	TAAAAAATTTTTGTATATGTTGTGTTATTTTTTTTGAAAAAAATAATATTTGTAA	3339
QY	3334	GATCCTTAGAAGCATCTAGTAAAAATTTCAGACTACAAAGATAGAGGCTTGTGATGCT	3392
Db	3340	TGTAAAAAATGAAATTAATAATTTGAAATGATTAATTAATAAATAAATGAATAATATA	3399
QY	3393	-TTTGATAGGTTCAAAATTTAGTGTGTGAGAGAGGAACATATCAATGCAATGACA	3451
Db	3400	ATTTGATTTTTTTTAAATATTTTTTTGTTAAATGTGAAAAATTAATTTGTTTATTTT	3459
QY	3452	AGATATGTCGCCAAGTTCTTGCAAAATTAATTAATCACTGATATTTTATACCTTGCTT	3511
Db	3460	ATTAATTAATTAATAATTTTTTTTTTTTGTGTGAATAAAAAATATGATTAATTAATGAT	3519
QY	3512	ATAAGTTTTACGTAATGTCGTGAATTCCT--TAACTGTTCTAAGATATTAATATTT	3570
Db	3520	TGAAATTAATAATTTTATTAATTAATAATTAATGTTAAAAAATATTTGTTGAAAAAATATTT	3579
QY	3571	TGAAGAGGTGTCACAATGATCACATTTTATAGAGATTCGACCAATTAATTAATGTTATG	3630
Db	3580	AAAAATGAATTAATAATAATGAATAATTTTAATTAATAAATAATTTTAATTAATGA	3639
QY	3631	TAACTTAATTTTCAGAGCATTTTGCTGTACTGATCATTTGTTACCTTTTTTTCTTCA	3690
Db	3640	TAACTTAATGCTAATATGCTTAATTAATTTTAAATTTTTTTTTTTTAAATAATTAATTTT	3699
QY	3691	TGCAGCCATGCAAGGATGACCAACGATACGTTAATGCAATTTGATTAATAAAAAA	3750

Db	3700	AAAAGATTAAATAATTTAATAAAAAATAAAAAAATATTTTTTTTAAATTTTAAAT	3755
Qy	3751	AAGCTAAATATAATTGAAATTTAAATGA-----AAGTTAATAATATCTT--AACT	3802
Db	3760	AATTTTATATATTTTGAATAATGATTAATAATTAATGTTTAAATATTTGTGAATTT	3819
Qy	3803	TTGGGACAGACCTATACCCCTGCACATATTAATAGTATTTTAAAGATTAAGAATG	3862
Db	3820	TTGTTTTTTGAAAATTTGAAAAGTAAATTTGAAAATTTGATTTGTATGATTAATAAA	3879
Qy	3863	TTTAGTGAACAACA-----ATTAGATATGCAAAATCATTTGAAAATTAAGTAAAT	3918
Db	3880	TTGAAATTTGATTTAAAGTTTAAAAAATTTGAAAAATATGATTAATAATTAATTT	3939
Qy	3919	GCAATTTTTTGCATATCAATATGATTAATAAATAATTAAGTAAAGTCTATGATGAT	3978
Db	3940	ATTAAATTTTAAATATTAATAATTTATGTTATTTAAAAAATAATGAAAAATGTTTAA	3999
Qy	3979	TCTAAAAATTAATATCATGACAACAATAGTACAGGAGAAAGTATATACAAATCTCT	4038
Db	4000	TGAAAATGATATGTAATTTGTTTGTGTGAAATTTTGTGTATGATATTTTAT	4059
Qy	4039	TCAAGTGAATGATTTGTGACACACCTCAAAACCTAGTCTTCTGATTAATATTC	4098
Db	4060	TTGTGTTTAAATGTTTTTTTATTTTGTGATATGTAATTTTATTTTTTTTTTTT	4119
Qy	4099	CTATTTCTTTAATAGATATCAAGGCTATAGTCTGTCAA---ATCTATACATGG	4154
Db	4120	TTATTTGTTTGTTTTATTTTAAATATATTTTGTATATATTTTAAATATTTT	4179
Qy	4155	AAACTATCTTGAAGCTGTGATTCAGATCGTGAACAATGATGAATGTT---	4211
Db	4180	TTTTTTTTTTTGTGATTAATAATATGATTTAATTTGGAATTTTAATTTTTTTT	4239
Qy	4212	--ATTAACTTTGATTTAAATATTAATAAATATATTTGTTAAATTTTCAGGCTTAAC	4269
Db	4240	AAATATTAATAAATAATTAATAATTAATAAATAATTTTGTATTAATAATGAAAA	4299
Qy	4270	TCTGAATGTCAAAAATTTGAAAGTGAATATCTTAAGAGTAAATAATGCAACAATTC	4329
Db	4300	TATAATATATGTTAAAAATTTGTTATGATATTTTTTTTGAATATTTTAATTAATA	4359
Qy	4330	ATATCAATTTGAGTCATGACATAATGTTGACCTCAATTTGATGATCAATGCTTCAG	4389
Db	4360	TAAATATTTTAAATTTGTTTAAATTTGTTTTTGTGAATTTTTTGTATTTGATG	4419
Qy	4390	CAAAAGCCCAATATCGATGAGTCCATGATCAAAATCTCAATATATCAAAATCTG	4449
Db	4420	AAAAATTTTGA-----AATGATGTGATTAATAAATTAATAATGAAATTTTG	4473
Qy	4450	ATCTATATTTGGAACAGTTTATTAATTAATTTTATTTATTTATTCAAATTAATGA	4509
Db	4474	TTTTATTTTTTTTAAATTAATGATTTAATAAATAATGATATATTTTGTTTTTTTT	4533
Qy	4510	AAAAAGGATTTTTTTTGAATACAAATTTATTAATTTTAAATTTTTTTTATAGTG	4569
Db	4534	TTTTATTTATGTTATTAATTAATTAATGTTTAAATTTTAAATAATTTTAAATTT	4593
Qy	4570	ATGATTTATTTCAATTTGTTTCGATCTCAAAATGTGAGGCCCAATATTAATCTGTG	4629
Db	4594	ATTTTATTTATTTTTTAAAAATTAATTAATTTTAAATAAATTAATAATGAATTA	4653
Qy	4630	GTCAGATCATGATTAAGGTAAGTCTAATTTTAAACAATAATCTGTGTTCCATTTCTAT	4689
Db	4654	ATTGTTGTGAAAATTAATGATGAATAGTGTTGTAATTTGTTTGTATTTAATAAT	4713
Qy	4690	TTCAATAAAGGTATGATATATATATTAATTAATCTTTAATTAATTAATTTGGCA	4749
Db	4714	ATGATTAATTTGA--ATTAAATTTATTTTGGAAATGAATAATTAATTAATTTATGAA	4771
Qy	4750	ATTTTCTTCTGTCTTTATAGTTATGACTTAGACAATAATTAAGGCGGTTGATG	4809

Db 4772 ATGATTTAATTATTAATAATGATATGATTTTTTTTTTAAAAAATTTAAATAATAAAA 4831
Qy 4810 GCGAATTAAGACAGCTTTAAATAAGTCTTTAAAGTGGAACTTAATTTTAAATA 4869
Db 4832 ATTTTATTTATTTATGTAATAATTTTGTGTTTTTAAATTTTAAATAATTAATTAATA 4891
Qy 4870 AGCAGTTATCGGTTTGATTAAGTCTGAAGTGTATATGCAACGTGAAGGAAAA 4929
Db 4892 ATAAATTAATAATTTGATGATGAAATTTGATGTAATATTTATTAATAATAAAT 4951
Qy 4930 ATGGAAGAAAGAAATGTTAGGTTATATGGTTATTTGTATAAATAATTAAGCA-- 4986
Db 4952 TTTGAAAAAATTAATGTAATAATTAATTTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT 5011
Qy 4987 -AAAGAATTAATAATGTGCTCACTTAACAACCTTAATAGCTTACCTTACCCAGC 5045
Db 5012 TAATAAATTTATTAATTTTGAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTGAATAATA 5071
Qy 5046 TTTTAACCTTTGGCTTAATAATTAAGTTTTTTTTTTTTTAAACTTAATAATAGTTTGG 5105
Db 5072 ATATATGTAATTAATAATAATAATAATTTTATTAATTAATTTGATTTATTTAAATTA 5131
Qy 5106 TATTCGCAAGAGCTAAATAATGCAAAAACAGCTTTTAAGTCAGTTGACCACTTTA 5165
Db 5132 ATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATTAATTAATTTATTTAATTTTATTT 5191
Qy 5166 AGCTGAGCCAAACAGGCTTAATAATGCTGCTTAAGTGTCTATATATATTTAGCTTT 5225
Db 5192 TTTGAAAAAATTTAATTAATTTAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATTT 5251
Qy 5226 TTTTGAAGTATATATATCCCTTAAGTCAACATTAAT-----ACATGC 5270
Db 5252 AATAATGATGAATAATAATTTTAAATAATAATAATTTTGTGTTGAAAAAATG 5311
Qy 5271 TTTTAACATGACATATATGTTAATCAAAAGCAAGATGATTAATTTTGCATTTGA 5330
Db 5312 TGTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTATTTATTAATAA 5371
Qy 5331 TTATTCACAGAAAGGATAGTCAAGGTACAT-----TCATGATTTGAGTA 5384
Db 5372 ATTTGTAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5431
Qy 5385 TCATTAAGACTAAATTAAGAATCAATTAATGAGGATCAAAAATGTTACTTAT 5444
Db 5432 TTAATAATGAATTTTATTTATGTTGAATTTTATTTTAAATGTTGTAATGTAAT 5491
Qy 5445 TAAATACTATTCATTTTCATTAATAATTAATACTAATTAAGAGTGTATTAATCTATA 5504
Db 5492 TTTATTTGTTGATTTTTTTTAAATGATGTTGTTGTTTTTTTTTTTTTATTT 5551
Qy 5505 AAACATGCAATTAATTAATGCAATGTGCT-----TTGTAACCTATTAATCTTGAAT 5560
Db 5552 AAAATTAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5611
Qy 5561 ATTTGCTATTTTCTCTTTTATTTTCCATGATTAATCTATGGAAGCTTGAATCT 5620
Db 5612 TTTTTTTTGTGTTTTTTTGTAAATTTTAAATAATTTATTTTGTGAATATAA 5671
Qy 5621 GGAATTCAGAGC-----TATGTGCTAATGTTACTGTAATGAAGCCAAAT 5670
Db 5672 AAAAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 5731
Qy 5671 TATGCTGCGAATAATGAGTTAGATCAAGCTTGAG--GTACCTCCCCCCCCC 5728
Db 5732 TTTTAATTTGTTAAATTTTGTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5791
Qy 5729 CCCCCCAGCCCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5788
Db 5792 ATTTTTTTTTTTTTTTTATGTTTTTTTATTTTAAATTTGAAAAAATGTTATATAA 5851
Qy 5789 AAGATTAATTTGATTCATGTTGAATTAATTTGGAATTAAGATTAATTTTAACTAGC 5848
Db 5852 AAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5911

Qy 5849 TTTCTATGTTATATAGAAAAAATGTCAGACTTCAGATTAATTTACTGTAAG 5908
Db 5912 TTTAAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 5971
Qy 5909 TGTAAATGTGTGCTTTGTTAGAAAGTTGGTTATCCAGTTTGGGTCATGATTAACC 5968
Db 5972 TTTTATTTTTTTTTTAAATTTTTTTTTTTTTTTTATTTTATTTTGTATATATTAATTA 6031
Qy 5969 AAACCTTAATGAAAAAGGGCTGACAGCGCCCACTAGTGTATATCAATAG---- 6024
Db 6032 ATAAATTTGATTTTTTATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6091
Qy 6025 ---GAAGATCTCAGCTGTTTATTTTCAATGACGTTCTTGTTGAATGTTAATTAAT 6081
Db 6092 ATGGAATATGATTAATGTTTATTTATGTTATGTTATGCTGATTAATTAATAATGTTT 6151
Qy 6082 AAATTAATTAACATGTAATTAAGCATTAATTAATAATTAATGTGTTTAAATGTAAGGA 6141
Db 6152 TGTAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6211
Qy 6142 GATCTGACAGCTAGCAATCAATTTCTGAATGTGAATGCAAGCTTAAGTAT 6201
Db 6212 AAAAAATTAATAATAATGTGTTTAAATGTAAATTAATTAATAATAATAATAATA 6271
Qy 6202 CCCATATTAATAGCCAAACATAT-TGTGATCGAGTGAACATGTAATACAGATTAAT 6260
Db 6272 TAAATAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6331
Qy 6261 TTTTATTAACGAACATTAATTAATTAATTTATTAATCTTAATTAATCACTTAATTA 6320
Db 6332 TATGATATTTTAAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6387
Qy 6321 AACTTAAGATCTTTTCACTAGTGAATCTTTGAATAGATTTTATAGTAATGATAT 6380
Db 6388 ATTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6447
Qy 6381 TCATTTCTTTTATTTTCTTCTAATTAATGATCTTTTGGACATNGCTA----- 6434
Db 6448 AAATTTTATTTATTTATTTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6507
Qy 6435 -----AAATCTGTTAAAGTAACCTGAATTCATTAAGAAAAATGTTAGATTAAT 6487
Db 6508 TTTTGTAAATTTTGTATGAATAAATGTTATTTAATTTTAAATAATATTAATTAATTT 6567
Qy 6488 CTAAATTTTATTAATTAATTAAGCTTAATCTAATATTTTGTATGAAGTGAACA 6547
Db 6568 AAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6627
Qy 6548 TATACATTAATAAATTTGATCAATTAATTAATCTAATAATTTGATCAAAATCAATCA 6607
Db 6628 TTTATTTTATGTTTTTATTAATGAATTTTATTAATTTTATTAATTTTAAATAATA 6667
Qy 6608 TGACTACAAACGAATACATGAGATCTCAACATATAGATGAAGTCAATTCAAAACG 6667
Db 6688 ATTTTATTAATGTTTATTAATGTTATGTTAATAATTTTGAATTAATGATTAATAA 6747
Qy 6668 AATCAATTAATAGTATATATCTTAATAAGAGACATTTGGGTAATAAGTAATAATCA 6727
Db 6748 AATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6807
Qy 6728 TTAAGTATTAATAATAATTTAACTGATCTCAGATTAATTAATCACTTGTCTCAG 6787
Db 6808 GAATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6867
Qy 6788 TTTTCAAGCTTCAAGTAATAATGTGCTATGAGATTAACAAGGACACAGTCAACA 6847
Db 6868 TTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 6919
Qy 6848 AAGGTGCCATAAATTTGATGACAGCAAACTTTCAATGTAAGAAATTAATTAATGAG 6907
Db 6920 AATTTTTTTTTTAAATTTTTTTTTT-----TTTTTATTTATTAATAATAATGATTAATA 6970

QY 3452 AGTATGTCGCAAGTCTTTCGCAAAATAAATACGTGTAATTTTAACTTGTCTT 3511
 DB 4359 TTAATTTTAAATTAATTAATTTCAAAAAAATATCATTAACAAAATTTTAACTTAATTA 4300
 QY 3512 ATTAAGTTTACGCTATGTGCTCGAATCTTAAACCTGTCTCAAGATATATATATTT 3571
 DB 4299 TTTTCATATTAATTAATTAATTAATTTTATATATATTAATTAATTTTATATATTT 4240
 QY 3572 GAAGAGGTGTCAAAATGCACTACATTTTGAAGATTCGACCAATTTAGTTTATGT 3631
 DB 4239 ATAAAAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4180
 QY 3632 AATCTAATTTTCAGACATCTTTGCC---TTGTACTGATCATGTGTACCCCTTTTCT 3687
 DB 4179 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4120
 QY 3688 TCATGACGCAATGACGAGATGACCAACGATACGTTAATTCATTTGATTAATTA 3747
 DB 4119 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4060
 QY 3748 AAAAAACCTAAATATATTTGAATTTTAATGAAGTTATTAATTAATTTTAACTTTGG 3807
 DB 4059 ATAAAAATATCATTAACAAAAAATTTCAACACAAACAAATTTTACATTAATTCATTTTCA 4000
 QY 3808 CAGGACTATTAACCCCTTGACATTTTAATAGTATTTTAAAGATTAATTAAGTGTAG 3867
 DB 3999 TTTAAACATTTTTCATTTTATTTTAAATACAT-----AAATTTTAAATTTTAAAT 3946
 QY 3868 TTGAACCAAAATTTAGATTTTCAAAAATCTATTTGAATTAATTAATTAATTTTCAATTTT 3927
 DB 3945 TTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTCA 3886
 QY 3928 TTGCATATCAATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTAGTTAAAGTTCTATGATTTTCAAAAT 3987
 DB 3885 TTTCAATTTTATTTTATCATTTACAAATCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTTTCAAAA 3826
 QY 3988 AAAAAATCATGCAAAACATTAAGTACGAGAAAGATTAATTAATTAATTTCTTCAAGTGA 4047
 DB 3825 AAACAAAATTCACAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3770
 QY 4048 ATCGATTTGTACACACACCTCAAAACCTAGTGTCTTTCGATTTAATTTCTATTTCTT 4107
 DB 3769 ATAAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3710
 QY 4108 TTTAATAGTAACAAAGCTATTAATTTCTGCAAAATCTATACATTTGAAACCTCTATCTT 4167
 DB 3709 TAAATCATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3650
 QY 4168 GAGGCTCGTACATTCGAGATCGTTGAACAATGATGATTAATTTTAACTTTGATTTT 4227
 DB 3649 CATTAATTTAAATTTTCAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 3590
 QY 4228 AAAATATTAACATAATTTGTTTAAATTTTTCAGGCTTAACCTTGGAAATGCAAAAAT 4287
 DB 3589 ATTTCAATTTAAATTAATTTTTCACACAAATTTTAACTTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 3530
 QY 4288 TGAAGGATTAATCTTAAGATTA-----AAATGCAACAAATTTCAAT 4331
 DB 3529 TAAATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 3470
 QY 4332 ATCAAAATTTGAGTACATTAATTTGTTAGCTTCAAAATTTGATGATCAATGCTTACAGA 4391
 DB 3469 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAACATTTTAAACAAAATTTTAAATTTTAAATTT 3410
 QY 4392 AAGAGCCCAAAATATGATGAGTCAATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTTATTTA 4451
 DB 3409 AAATTAATTAATTAATTTATTTTCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 3350
 QY 4452 ACATTAATTTGAGACAGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 4511
 DB 3349 TTTTATTAATTAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTA 3290

QY 4512 AAAGAGTATTTTATTTGATTAACATAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 4571
 DB 3289 AATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3230
 QY 4572 GATTGATTTCAATTTGTTTTCGATCTCAAAATGTCAGGCCCAATATTTACTTGTGT 4631
 DB 3229 AATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3170
 QY 4632 CAAAGTATGATTAAGTATCTATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 4691
 DB 3169 AATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3110
 QY 4692 CATTAAGGATGATGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 4751
 DB 3109 TATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 3050
 QY 4752 TTTTTCCTGCTTATGTTTATGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 4804
 DB 3049 TTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2990
 QY 4805 GATGGCGAATTAAGCAGCTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 4864
 DB 2989 TCAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2930
 QY 4865 AAATTAAGCATTAATGCTTTGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 4924
 DB 2929 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2870
 QY 4925 GAAAAATGGAAGAAATGTTAGGTTATATGTTTATTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTA 4984
 DB 2869 TAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2810
 QY 4985 CAAAAATTAATTAATTTGCTCACTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5044
 DB 2809 TTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2750
 QY 5045 CTCTTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5104
 DB 2749 TTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2690
 QY 5105 GTATTCGCAAGAGCTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5164
 DB 2689 AAAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2630
 QY 5165 AAGCTGAGCAACAGGCTTAAATTTGCTGTTAATTTGCTAATTTGCTAATTTGCTAATTTGCTAATTT 5224
 DB 2629 TTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2570
 QY 5225 TTTTGAAGTATG--ATATATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5281
 DB 2569 TTAATTTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2510
 QY 5282 ACATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5341
 DB 2509 TCAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2451
 QY 5342 AAAAGGATGATTAAGTATGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5401
 DB 2450 AAAAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2391
 QY 5402 AAGAAATCAATTAATTTGAGGATCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5461
 DB 2390 AATTTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2331
 QY 5462 TTTCAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 5521
 DB 2330 TAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2271
 QY 5522 TGAGGAATGTTGTTTGTATCTTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5576
 DB 2270 TAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2211
 QY 5577 CTCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5636

Db 2210 ATTTTTCATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTTATTTTATTTT 2151
Qy 5637 ATGCTCTATGTACTGTAATGAGCA-----AAATATGCTGCCGAA 5684
Db 2150 TTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 2091
Qy 5685 ATGAGTTAGGATCAAGCTGACAGTACCCCTCCCCCCCCCCCCCAGAGCC 5744
Db 2090 ATATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT 2031
Qy 5745 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 5804
Db 2030 TTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1971
Qy 5805 CAGCTTGAATTTATTTGATTAAGTATGATTTTACAGCTTCTATGTATATG 5864
Db 1970 TATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1911
Qy 5865 AAAAAAATGTCAGAACTCAGATTATGCTGACTAGTAAATGCTGCTT 5924
Db 1910 AATTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTT 1851
Qy 5925 TGTTTAGAACTTGTATTCAGCTTTGGCTCATGATTAACCAACT-TATATGAA 5983
Db 1850 TTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTA 1791
Qy 5984 AGGGCTGCAAGCCGCGCCCACTAGCTGATCATAGAAAGTCTCAGCTGTT 6043
Db 1790 ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1731
Qy 6044 ATTCAGATGACGTTCTGCTGTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTA 6103
Db 1730 ATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1671
Qy 6104 AGCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6161
Db 1670 TATCATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1611
Qy 6162 CATCAATTTCTGAATGCGAAATGCAAGCTTAAGTATCCATTAATTAAGCAAAA 6221
Db 1610 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTAA 1551
Qy 6222 CTATGTGATGAGTGAACATGATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTTA 6281
Db 1550 TAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1494
Qy 6282 TTATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAACT 6341
Db 1493 TTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1434
Qy 6342 AGTTAGTACTTTTGA-----TAGATTTTAAATTAATTAATTTA 6386
Db 1433 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAA 1374
Qy 6387 TTCTTTTAAATTTTCTTAAATTTATGATCTTTTGAATGCTAAATCTGTGA 6446
Db 1373 ATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1314
Qy 6447 AAGTAACTGAATTCATTAAGAAAAATGTAATTAATTAATTTTAAATTTA 6506
Db 1313 TATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAACTAACA 1254
Qy 6507 TTAGACGTTATCTAATTTTGTATGTAAGTTGAAACATTAATTAATTTAAT 6566
Db 1253 TTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 1194
Qy 6567 TCAATTTAAATTAATTAATTAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 6626
Db 1193 ATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1134
Qy 6627 ATGCAATTTCTCAATATGATGAACTTCAAAACGAATCAATTAATAGTAA 6686

Db 1133 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1074
Qy 6687 TATCTTAAAGAGACTTTGGTAAATAGTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTT 6746
Db 1073 CAAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 1014
Qy 6747 CTAACTGATCTCTCAGATTAATTTAACTAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6806
Db 1013 AATATATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 954
Qy 6807 AATATGCTGATAGATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 6866
Db 953 AATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 894
Qy 6867 ATGACACAACTTCCATGTAAGAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAA 6926
Db 893 AATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 834
Qy 6927 AAGTGAACAACTGACAGCTACGTCAAAATGTCATTTTAAATGCTGAACATG 6986
Db 833 AATTTTAAATTAATCAT-----TTATTAATTTTAAATTAATTAATTTAA 782
Qy 6987 TTACACCACTGCTGCTGCTAATAATTTCAAGATGAAGCTTTGTATTAATTT 7046
Db 781 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 722
Qy 7047 AATTTATCTATGATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAA 7106
Db 721 AATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 662
Qy 7107 TATCTATGATGATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 7166
Db 661 TAAATTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 606
Qy 7167 ATGATTTCTATTTTCTAGCAAAAGTTGACATTTTAAATTTTAAATTTA 7226
Db 605 TTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 550
Qy 7227 TAAATGTTATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7286
Db 549 ATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 490
Qy 7287 CATTAATTAATTAATTTTCTGCAATGATTTGATTAATTAATTAATTAATTA 7346
Db 489 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 430
Qy 7347 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 7406
Db 429 TAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 370
Qy 7407 GATTTAGTTTCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 7434
Db 369 TTTTATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 342

RESULT 7
US-09-924-197-1
; Sequence 1, Application US/09924197
; Publication No. US20030018993A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Guttererson, Neal
; APPLICANT: Oeiller, Paul
; TITLE OR INVENTION: Improved Methods of Gene Silencing Using Inverted
; FILE REFERENCE: 012176-010810US
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/924,197
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/225,508
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-15
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 3
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 5822

```

; TYPE: DNA
; ORGANISM: Agrobacterium tumefaciens
US-09-924-197-1

```

Query Match	3.6%	Score 265.4;	DB 10;	length 5822;
Best Local Similarity	99.6%;	Pred. No. 8.3e-28;		
Matches 266;	Conservative 0;	Mismatches 1;	Indels 0;	Gaps 0;

QY	6785	CAGTTTTGAGCGATTCAAGTGAATAATGGTGATATGGAATATGCAAGGGCA	6844	CAAGTGCA
Db	2164	CAGTTTTGAGCGATTCAAGTGAATAATGGTGATATGGAATATCAAGGGCAAGTGCA	2223	CAAGTGCA
QY	6845	ACAAAGTGGCCATAAAATTTGATTGCGACACAACCTTCCATGGAAGGAATATATG	6904	TTATATG
Db	2224	ACAAAGTGGCCATAAAATTTGATTGCGACACAACCTTCCATGGAAGGAATATATATG	2283	TTATATG
QY	6905	GAGATATTAATTTTGTGAGGGGAAAGTGGAAAACCATGAGGCTACGTGCMAAAATGTC	6964	ATGTC
Db	2284	GAGATATTAATTTTGTGAGGGGAAAGTGGAAAACCATGAGGCTACGTGCMAAAATGTC	2343	ATGTC
QY	6965	CATTTTAAACAATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT	7024	ATTCAGAGAT
Db	2344	CATTTTAAACAATGCTGAACATGTACACACACATGCACTTCACTAGAAATTCAGAGAT	2403	ATTCAGAGAT
QY	7025	GAAGCTCTTTGTATTAATTAATTT	7051	
Db	2404	GAAGCTCTTTGTATTAATTAATTAATTC	2430	

RESULT 8
US-10-691-374-1/c

```

Sequence 1, Application US/10691374
Publication No. US20040250322A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: McCallum, Claire
APPLICANT: Slade, Ann J.
APPLICANT: Colbert, Trent
APPLICANT: Knauf, Vic
APPLICANT: Anawah Inc.
TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polygalacturonase Activity Caused by Non
TITLE OF INVENTION: Transgenic Mutations in the Polygalacturonase Gene
FILE REFERENCE: MMB 02-276
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374
CURRENT FILING DATE: 2003-10-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 50
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 1

```

Db 197 TGGTAGTTTGTA---CCATTGCAATACCTTGAGAAATATTTAGGCCCTTTTGGAAAT 143

RESULT 9

US-10-691-374-47/c

Sequence 47, Application US/10691374

Publication No. US20040250322A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: McCallum, Claire

APPLICANT: Slade, Ann J.

APPLICANT: Colbert, Trent

APPLICANT: Knauf, Vic

APPLICANT: Anawah Inc.

TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polylacturonase Activity Caused by Non-TITLE OF INVENTION: Transgenic Mutations in the Polylacturonase Gene

FILE REFERENCE: MHB 02-276

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374

NUMBER OF SEQ ID NOS: 50

SOFTWARE: PatentIn version 3.1

SEQ ID NO 47

LENGTH: 7456

TYPE: DNA

ORGANISM: Lycopersicon esculentum

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (1479)..(1757)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (2416)..(2547)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (3327)..(3491)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (3696)..(3716)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (4260)..(4467)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (4567)..(4648)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (5602)..(5710)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (6139)..(6255)

OTHER INFORMATION:

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (6788)..(7045)

OTHER INFORMATION:

US-10-691-374-47

Query Match 3.14; Score 228.4; DB 18; Length 7456;

Best Local Similarity 58.04; Pred. No. 1.6e-22;

Matches 486; Conservative 0; Mismatches 336; Indels 16; Gaps 4;

Qy 143 ATTCGAAAAGGCGCTAAATATCTCAAGATTCGAATG---TACMAAACTACCATC 199

Db 972 ATTGAAATGATACAAATATCTCTCATCATCATATGGCTTCAAAATATCTTCT 913

Qy 200 CGTCACCTATTCGATCCAAAATAAATATATATTCACCTTTGAGTTMAAATTGACTAC 259

Db 912 CATCCCTATTGGCTCTAAATATACCTTCTCATCCACTTTTGGGTTCAAAATTGACCAT 853

Qy 260 TTATATACAACTCTAAATTTAAACATATTTAACTTTTAAATATCATGCGCTCAAA 319

Db 852 TTATCTACCGCTTTTAAATTCAAACTATTTAATTTTAAATATCATGCGCTCAAA 793

Qy 320 TATTTAATATATTTAAATTTATGAAATTCATTTATTAACCAACCACTACCACTCATTA 379

Db 792 TATTTGTTATATTTAATCTATGATATTAATTTAATTAATTTACTACCACTCATTA 733

Qy 380 ATCATTTAAATCCCAACCAATTCATCATGAAATTCCTTAAACACTACTTAAACAAGA 439

Db 732 CTAAATTA-----ACATTAATGTCATCTTAATTAATTCCTGTCATTAATGATGATA 678

Qy 440 CGAATTTGTCAGTCCGATTCGAGCAACCAATCTAATTTAGTTGAGCGCATTTAG 499

Db 677 CTATATGATATATTTTAAATTAATATATATTCAGTTTAAATTTAAACCAATCAT 618

Qy 500 GAGGACACTTTCATATGATATTTTTCAGACATGAAATTTGAAATTAAGATTAATGATA 559

Db 617 AAATATTTATATATTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTCGGGTGTAATCTTCT 558

Qy 560 AGAATGATGACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATATATATTTATATTAATTTAT 619

Db 557 ACCATTAATCTTAAATTTCAAAATTCATGCTGAAAAAAATCTAATGAAAGTGTCTCT 498

Qy 620 GATTTGTTTAAATATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTTATCTATTAAGTA 679

Db 497 AAATATGCGGCTCAACCTTAATTTGATTTGCTGCTTCGATTCGACCTGAAACATTTGCTC 438

Qy 680 CCAATCATATATGAGACGAGAAATTAATTAAGATGAAATGATG---TTTAAATGATA 734

Db 437 TTGTTTATGATGATTTGATGAGCAATTTGATGATGAAATTTGGGTGGATTTAATGATTA 378

Qy 735 ATGATGCGTATGATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 794

Db 377 ATGATGCGTATGATTTGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 318

Qy 795 TGAGCGCATGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 854

Db 317 TGAGCGCATGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 258

Qy 855 GGTCAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATTTTGAAGCCAAATAGGGGATGAG 914

Db 257 AGTCAATTTTGAACCAAGGTGATGATTAATTTTGAAGTCAATAGGTGAGCGGA 198

Qy 915 AAGATATTTTGAAGCCAAATGATGATGAGATTAATTTGATCATTTTGAAT 972

Db 197 TGGTAGTTTGTA---CCATTGCAATACCTTGAGAAATATTTAGGCCCTTTTGGAAAT 143

RESULT 10

US-10-691-374-49/c

Sequence 49, Application US/10691374

Publication No. US20040250322A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: McCallum, Claire

APPLICANT: Slade, Ann J.

APPLICANT: Colbert, Trent

APPLICANT: Knauf, Vic

APPLICANT: Anawah Inc.

TITLE OF INVENTION: Tomatoes Having Reduced Polylacturonase Activity Caused by Non-TITLE OF INVENTION: Transgenic Mutations in the Polylacturonase Gene

FILE REFERENCE: MHB 02-276

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/691,374

NUMBER OF SEQ ID NOS: 50

SOFTWARE: PatentIn version 3.1

SEQ ID NO 49

LENGTH: 7456

TYPE: DNA

ORGANISM: Lycopersicon esculentum

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

```

1 LOCATION: (1479) .. (1757)
2 OTHER INFORMATION:
3 FEATURE:
4 NAME/KEY: CDS
5 LOCATION: (2416) .. (2547)
6 OTHER INFORMATION:
7 FEATURE:
8 NAME/KEY: CDS
9 LOCATION: (3327) .. (3491)
10 OTHER INFORMATION:
11 FEATURE:
12 NAME/KEY: CDS
13 LOCATION: (3696) .. (3716)
14 OTHER INFORMATION:
15 FEATURE:
16 NAME/KEY: CDS
17 LOCATION: (4260) .. (4467)
18 OTHER INFORMATION:
19 FEATURE:
20 NAME/KEY: CDS
21 LOCATION: (4567) .. (4648)
22 OTHER INFORMATION:
23 FEATURE:
24 NAME/KEY: CDS
25 LOCATION: (5602) .. (5710)
26 OTHER INFORMATION:
27 FEATURE:
28 NAME/KEY: CDS
29 LOCATION: (6139) .. (6255)
30 OTHER INFORMATION:
31 FEATURE:
32 NAME/KEY: CDS
33 LOCATION: (6788) .. (7045)
34 OTHER INFORMATION:
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
```

Db 497 AATATGCGCTCAACCTTAATTAGATTGGTGGCTTGATTCGAGCTCGAAACAATTTCGTC 438

Qy 680 CCATCACAATAATTGAGACGAGAAATAATTAAAGTGAACATAGT-----TTTAATTAGTA 734

Db 437 TTGTTTGTAGTAGTGTTTAGACACAATTATAGTGAATTTGGTGGAATTAATATTA 378

Qy 735 ATGATAGGGTAGTAATTTATTTATTAATATATCAATAGTAAATTTAACAATATT 794

Db 377 ATGAGTTGGTAGTGGTGGTTTATTAATAAGATTCATTAATTTAATTTAATTT 318

Qy 795 TGAGGCGCATGATTTTAAAAATTTAAATAAGTTGAATTTAAACCGTTAGATAAT 854

Db 317 TGAAAGCCAGTATTTTAAAAAGTATTAAGTTAAATTTAGAAATGTATATTAAGT 258

Qy 855 GGTCAATTTGAACCCAAAGTGATGAGAGGATTTTATGAGCCATAGGGGGATGAG 914

Db 257 AGTCATTTTAAACTCAAAAGTGAGTAATTAATTTATTTTGGAGTCATAGGTGAGCGA 198

Qy 915 AAGGATATTTGAACCAATATGTGATGAGTGAAGATTAATTTGTATCATTTCTTAAT 972

Db 197 TGTAGTTTGTGA---CCAATTCGAATCTTTGAGAAATATTTTAGCCCTTTTCCAAT 143

```

RESULT 11
US-10-312-841-1/c
; Sequence 1, Application US/10312841
; Publication No. US20030186277A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
; FILE REFERENCE: E01/1208/WO
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312,841
; CURRENT FILING DATE: 2002-12-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3673778
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
; FEATURE:
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: (3294164)
; US-10-312-841-1

```

Query Match	3.1%	Score 228.4	DB 18	Length 7456
Best Local Similarity	58.0%	Pred. No. 1.6e-22		
Matches 486	Conservative 0	Mismatches 336	Indels 16	Gaps 4
Qy	143	ATTGCAAAAGGGCCCTAAATATATTCCTCAAGTGTGGAAATGG---TACAAACTACCATC	199	
Db	972	ATTGAAATGATACAAAATATATCTCCATCCATCAATATATGGCTCAAAAATATCTTCT	913	
Qy	200	CGTCCACTATTGACTCCAAAATAAATATATATCCACTTGAAGTTTAAATGACTAC	259	
Db	912	CATCCCCCTAATGGCTCTAAAATACCTTCCTCATCAGCTTTGGGTTCAAAATTCACAT	853	
Qy	260	TTATATACATTCCTAAATTTAAATCTATTTTAACTTTTAAATATACATGGCGTTCAA	319	
Db	852	TTATCTACGGTTTTTAAATTCAAACTATTTAAATTTTTTAAATATACATGGCGCTCAA	793	
Qy	320	TATTTAATATATTTAAATTTATGAAATATCATTTTATPAACCAACCACTACCACTGATA	379	
Db	792	TATTTGTTATATTTAACTTATGATATATTTATTAATTAATTTACTACCATCCATTA	733	
Qy	380	ATCATTAATCCCAACCCAAATTCATATCAAAAATGTCCTPAACACTACTATPAACAAGA	439	
Db	732	CTATTTAA-----ACACTATGTCATCTTATATTTCTCGTCCTCAATATATGATAGTGA	678	
Qy	440	CGAATATGTCGAGTCGGAATCGAAGCAACCAATCTAATTTAGTTAGAGCCGCAATATTAG	499	
Db	677	CTTATATGATATTTTTTTTTTAAATAATATATATCAAGTTTAAATTTTAAACAACATCAT	618	
Qy	500	GAGGACACTTCATAGATATTTTTTTTCAAGCATGAATTTGAATTTAAGATTATNGTAA	559	
Db	617	AAATATTTATATATATATTTTAAATAAAGGATATTAATTTCCGGGGTACTACTCTTTT	558	
Qy	560	AGAAAGTGTACACCCGAATTAATTCATGCGCTTTTAAATATTAATTAATTAATATTTAT	619	
Db	557	ACCAATTAATCTTAAATTTCAAAATTCATGCTTGAAAAAATACTATGAAGAATGCTCCCT	498	
Qy	620	GATTTGTTTTAAATATTAATAAAGTGAATATATATTTTAAAAAATTTATCTATTAAGTA	679	

[illegible]

OY		1402	CATCCCTTTCATCAAAAAAATAATATCTTTTGAATGACAGCTTAAACCATA	1461
Dd		1715023	TATATAAAATATATATATAATATATATATATATTAATAATATATATATATATATATA	1714964
OY		1462	CGATTACAATATATCATGTGGTTATCCAAGAATAGTATTCCTCCTCATATATATT	1521
Dd		1714963	TATAAAAATATATATATCAAAATATATATATATCAAAAATATATATATATAAATATATAA	1714904
OY		1522	TTGCCTTCATCAATTTCAACTTGTAGAACATGTTATTGATGACATTTATTCACAAAG	1581
Dd		1714903	ATATATATATATATAATATATATATATATATAATATATATATAATATATATATATAT	1714844
OY		1582	TTTTATGATTAATATCTTGACACAAGAAATTTGCCATGA---TTTTCAAGCTATATCTTT	1638
Dd		1714843	ATACTATATATATATAAATATATATAATATATATATATATATATATATATATATA	1714764
OY		1639	ATTGAGCAAAATATTTGAAAACAAATTAATTTGACAGGTGATMAAATGGAGTTA	1698
Dd		1714783	AAATATATATATATAAATATATACATATATAATATATATATATAATATATATATAC	1714724
OY		1699	AAGTATTAATAGTACTTGAAGCTTGGAGCTAAGGGGATGSAAAAACATATGATATATGTG	1758
Dd		1714723	ATATATAATATATATATATAAATATATCATATATAATATATCATATATAATATATATA	1714664
OY		1759	TAAATTTTAAATATTTGGMATATATTTGGGGATGAATAATGATAGAAATATAGAATT	1818
Dd		1714663	TATATATATAATATATATATATATAATATATATATATATAATATATATAATATATATA	1714604
OY		1819	ATTGGAAGATGAAAAAGTTATATTTTATATAAGTGAABAAATTTATTTTCCTGTTTACTA	1878
Dd		1714603	TATATAAAATATATACATAAAATATATATATATATATAATATATATATATATATATATA	1714544
OY		1879	TTAAGGTGAATAATGAGTTCTCGTTACGACGAGAAAGCTATTTTCCATGCTAACTGAT	1938
Dd		1714543	ATATATATATATAAATATATATATATAATATATATATATATAAATATATATATAA	1714484
OY		1939	TTTTTTTTTACTTTAATPAAGTCATAGTATTTGCTATATCTCAAGATPAGACACTTATT	1998
Dd		1714483	AAATATATTTAAATATATATATAAATATATATAAATATATATATATATAATATATATA	1714424
OY		1999	ATTGATGATTTAGTGCCTGGAAGAAATGATNAGRAATTTTGCTTAATATPATACAT	2058
Dd		1714423	ATATATATAATATATATATATAAATATATATATATAATATATATATAAATATATATATA	1714364
OY		2059	TTCTTATATGTATATTTTTCACACCAAAATPAAACAAGCCATACTCCATATGCGGCTCTA	2118
Dd		1714363	AAATATATATATAATATATATATATATAATATATATAAATATATATATAATATATATA	1714304
OY		2119	GATATPAAGATPAAGTCTTATTCATTCATTCCTTAACCTTATTTTAATTTTAGTGGAAACCTGCAC	2178
Dd		1714303	ATATATAAATATATATATATAAATATATATATATAAATATATAAATATATATATAATATA	1714244
OY		2179	AAAAACGAACAAACGATATTCAAACCTTTATATTTGGAATTTGAGACCAACATATGAACA	2238
Dd		1714243	TAAAAATATATATAATATATATATAATATATATA-TAAAAATATATATAATATATAAAT	1714183
OY		2239	ACCTCACATGACATATAGTCCTAATATATATAATTTTTCIAAAAAATATCTTCAATCTA	2298
Dd		1714184	ATATATAATATATATATAAATATATATATAAATATATATATAAATATATATATAAATETA	1714124
OY		2299	CCATTTGAATATTTGAAANAATGACTTTTATCCATAGCAACATATCAAGAGTTCTT	2358
Dd		1714124	TATATAATATATATAAATATATATATATATATATATATATATATAATATATATAAATATAT	1714065
OY		2359	TTAAGAAATTTACCACTACATTTGGTATGTCT-----TATCGGTGTAATAATTAATCTT	2411
Dd		1714064	ATATATAATATATATAAATATATATATAAATATATATATAATATAAATATATAATATA	1714005
OY		2412	TCAGGCAATTTGAGCAAGCATGAATGAAGCATGTTCACTGAGAACCTGTTCATTTGT	2471
Dd		1714004	TATATAAATATATATAAATATATATATATAAATATATATAAATATATATATAAATATAT	1713945

QY	2472	GGTTCCTAAAGAAAGAAATTATCTTCCAGCAATACCCCTTCAGCTCCAGTCAGATC	2531
Db	1713944	ATAAAAAT	1713885
QY	2532	TTCTATTTCACTAAAGGTAGCATATGATATTTTATATCCTCTTGTTCAGCAATATAT	2591
Db	1713884	ATATATATAAT	1713825
QY	2592	ATCTGGTTATGACAAAATTTAAGAAAGTAATCAAAGTATGATATAACATGAAATTTCTG	2651
Db	1713824	TATATAAAT	1713765
QY	2652	CACATAATTACGGATTAGTGAGGAATTATCAAAATGTATNGTAGCATACAGCACTTA	2711
Db	1713764	TATATAAAT	1713705
QY	2712	GCTATGAATTAGTACAGTAAGAAAGTTT--GATGCTAAATTCATATTTTTTTTGTAGAGTA	2769
Db	1713704	TATATATAAAT	1713645
QY	2770	AAGATATTTGAAACACATGATTTAATATATATATATATGCTTTAATTTAATATGCTCAATGAT	2829
Db	1713644	AAT	1713585
QY	2830	AGTTCAAACTTAAGACCTGCAAGAAAGAAATTAAGAAAGAAATTTATTTTAAATATAA	2889
Db	1713584	AAAAATA	1713525
QY	2890	TTAAAAAGAAATAATATGAGAAATATATATATATCAAGCAGAGGTATTAATATCTATGGCG	2949
Db	1713524	TTAT	1713465
QY	2950	ATTAAGAGATATTAATATATGTAAGAAAACAGACCTACACATATCTAATTAAGTCTCATPA	3009
Db	1713464	AAAAATA	1713405
QY	3010	ATGATATATATATATATAGTGTATGCAACAGTTATCCCTACAAAACCTTTGTGGGGTAG	3069
Db	1713404	AAATA	1713345
QY	3070	ATCGATCCAGAGTGTGTTCCAGACTCTGCTGTATATATATATATATATATATATATAT	3129
Db	1713344	AATA	1713285
QY	3130	TGAAAGAAATGTATATATGATGAAAATATGAAGAAAACATATCAATATTAATAATA--A	3186
Db	1713284	ATATATATAAATA	1713225
QY	3187	TAAAGTAATCAAAGTAAGCAAAATATACATATGGAATATATCTCATTAATGAAAATTTAGT	3246
Db	1713224	TAAAT	1713165
QY	3247	GGCTTTTGTTAACAATATCTTAGTTTATTCATTTGTTCTTTAAT--TTCCCTCTTATTT	3305
Db	1713164	ATATATACACACAAATA	1713105
QY	3306	TTTTTGAATTTACTAATGACAGATTTTGGATCCTTAGAAGCATCTAGTAAATTTTCAGAC	3365
Db	1713104	TAT	1713045
QY	3366	TACCAAGAT 3374	
Db	1713044	AATATATAT 1713036	

RESULT 12
US-09-782-130-26/c
; Sequence 26, Application US/09782130
; Publication No. US2004055038A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: KNAUF, VIC C.
; APPLICANT: KRIDL, JEAN C.
; TITLE OF INVENTION: METHODS AND COMPOSITIONS FOR REGULATED TRANSCRIPTION

Query Match	2.9%	Score 215.6;	DB 11;	Length 2207;
Best Local Similarity	58.1%;	Pred. No. 6.6e-21;		
Matches 459; Conservative	0;	Mismatches 319;	Indels 12;	Gaps 4

QY	188	AAAACCTACCCGTCCACTATTGATCTCCAAATATAATTAATTCACCTTGAGTTT	247
Db	925	AAATATCTTCTATCCCTCCCTATTTGGCTCTAAATACCTCTCATCCACTTTGGTTC	866
QY	248	AAATTTGACTACTTAATAAACAATTTAAATTTAACTTTTAACTACTTTAAAATAC	307
Db	865	AAATTTGACCATTTATCTAACGGTTTAAATTCACACG- TTAAATATTTTAAAAATAC	807
QY	308	ATGGCTTCAAAATTTTAATATATTAATTTAATTATGAAATTCATTTATAACCAACCACT	367
Db	806	ATGGCTCTCAATATTTGTTATTAATTTAACTTAATGAAATATATTAATTAATAATTACT	747
QY	368	ACCACTCTTAATCATTTAAATCCACCCAAATTTCACTATCAAAATGCTCTAAACACT	427
Db	746	ACCCATTCATTTCTAATTAACATCATGTCATCTTAATTTTCCTTCGTCTCAATTTAG	687
QY	428	ACTAAAAAGAGAGAAATGTTGCGAGTCGAGACCAACCAATCTAATTTAGGTTAG	487
Db	686	TGATGTCATTAATGATATATTTTAAAAAAATATATATTTCAAGTTTATATTTAAAA	627
QY	488	CCGCAATATTTAGAGAGACATTTCAATATGTAATTTTTTCAAGCATGTAATTTGAATTTAA	547
Db	626	CAATCATTAATATTTTATATATATATATTTTAAAAAAGCATGATTTAATTCGGAGTAC	567
QY	548	GATTAAATGTAAGAAGATGACACCCGAATTAATTCATGCTTTTAAATATTAATTAAT	607
Db	566	TACTTCTTTACCAATTAATCTTAATTTCA---AATTCATGCTTGAAAAAATCTATTTGA	510
QY	608	ATTAATATTTTAATGATTTGTTTAAATATTTAAAACCTGAATATATTTATTTAAAAAATTT	667
Db	509	AAAGTCTCTCTTAATATATGCGGCTCAACCTTAATATGATTTGGTCTCAATCGACCTCG	450
QY	668	ATCTATTAAGTACATCATTAATTTAGACGAGAGAAATTAATGATGAAACATATGAG- ---	723
Db	449	AACATTTTCCTTTGTTTGTAGTGTGTTTGAAGCATTTTGAATGATGATTTTGGGTGGG	390

QY	724	-TTTAATAGAAATGAGTGGTATGTAATTTATTTAAATTAATACATAGTAATTT	782
Db	389	ATTTAATGATTAATAGATTGATGTTGGTGTGTTATTAATGATATTCATTAATTAATT	330
QY	783	ATTAACAATAATTTGAGCGCCATGTAATTTTAAAAAAATATTAATTAAGTTGAATTTAAAC	842
Db	329	ATATTAATAATTTGAACGCCATGTAATTTTAAAGTATTTAAATTAAGTTTAAATTTGAAAT	270
QY	843	CGTTAGTAAATGTCATAATTTTGAACCCAAAGTGATGAGAAAGGTAATTTTGAAGCCAA	902
Db	269	TGTTATATTAAGTAGTAAATTTTAAACTAAAGGTGGAATTAATTTTATTTGAGTCAA	210
QY	903	TAGGGGATAGAAAGATATTTTGAAGCCAAATATGTATGATGAGAGAGATAATTTGTAT	962
Db	209	TAGGTGAGCGAGTGGATGTTTGTAT--CAATTCGAATCTTTGAGAAATATTTTAGGCC	153
QY	963	CATTTCATAT	972
Db	152	CTTTTCGAAT	143

```

RESULT 13
US-10-473-126-240/c
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenome AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; TITLE OF INVENTION: Proliferative disorders
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473.126
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 240
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-240

```

	Query Match	2.7%	Score 200.2;	DB 18;	Length 8056;
	Best Local Similarity	45.2%;	Pred. No. 1,6e-18;		
	Matches 1085;	Conservative 0;	Mismatches 1278;	Indels 39;	Gaps 8
QY	38	AAATATATTATTTATACATGTAAGCACTTGAAGAACCATAGTTGGAAAGGTACC	97		
DB	2400	AAAAATATAAATTTTATATTAATTTATTTATTTAAAATTTATATTTTTAAAAATTTAAT	2341		
QY	98	AATGCCCTATATTTATATCACTTGATATATATAAAAAAATTTCAATTCGAAAGGCCT	157		
DB	2340	AAAAATTTATTTAAATACGAAATATATATATTTATTTAAAAATTAATATTTAAAAATTT	2281		
QY	158	AAAAATATTTCTCAGAAATATTCGAAATGGTAGCAAAACTATCACCCGCCACTATGACGCC	217		
DB	2280	AAAAATTTTATTTATTTATTTTAAATTTAAATTTAAATTTTATTTAA--AATTTAAATTT	2223		
QY	218	AAAAATAAATTTATATCCACCTTGAGTTTAAAAATGACTATATATPAACAATTTCTAAA	277		
DB	2222	TTTTTTTTTTTTTATTTTTTTTTTGGTTTTTTTAAATTTTATTAATTAATTTATTTT	2163		
QY	278	TTTAAACTATTTTTATATCTTTTAAAAAATACGCGCGTCCAAATTTTATATTTAAT	337		
DB	2162	TTTTTTTTTATTTTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTAAT	2106		
QY	338	TTATGAATATCATTTATTAACCAACCAACTACATCATTAATCATTTAATCCACCCA	397		
DB	2105	TTTATATTTATTTATTAATTAATTTAAAAATTTTTTATTAATTTTAAAAATTTAAAAA	2046		
QY	398	AATTCATCATCAAAATTTGCTCTTAAACAATCATTAACAAGAAGAAATTTGTGACGCCG	457		
DB	2045	TATTTAAAAATATATATTTTATTTTAAATATTTTAAATTTTATTTAAATTTTAAAAATAAA	1986		

Qy 458 AATCGAAGCACCATTATTTAGGTGAGCCGATATTTAGAGACACTTTCAATAGT 517
Db 1985 TTAATATTAATATTTATTTTAAAAAATTATATTTTATTTATTAATTTAAT 1926
Qy 518 ATTTTTCGAAGCATGAAATTTGAATTAAGATTAAAGAGATGACCCGAA 577
Db 1925 ATTTTTCGAAGCATGAAATTTGAATTAAGATTAAAGAGATGACCCGAA 1866
Qy 578 TTAATCATGCCCTTTAAATATTAATTAATTAATTTGATTTGTTAAATTTA 637
Db 1865 TTAATTTTTCGATTTTATTTTATTTTAAAAAGAAATTTTATTTATTTAA 1806
Qy 638 AACTGGAATATATTTT-----TTTAAAAAATTATCTATTAAGTAC 680
Db 1805 AATATATATATACGATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1746
Qy 681 CATACATTAATGAGAGAGAAATTAATTAAGATGA---ACATAGTGTAAATGAT 736
Db 1745 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1686
Qy 737 GGATGGGATGATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTG 796
Db 1685 ATAAAAATTAATTAATTTATCGATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTG 1626
Qy 797 AGCCCATGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTG 856
Db 1625 ATTTGATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAAAT 1566
Qy 857 TCAATTTTGAACCAAAAGTGAAGAGAGGATTTTGAAGCCAAATGGGGATGAA 916
Db 1565 AATTTTAAAAAATTAATTTATTAATTAATTAATTTTAAAGTATTAATTTAT 1506
Qy 917 GGATTTTGAAGCATATGATGATGAGATTAATTTGATATTTCTAATCTT 976
Db 1505 ATATATATTAATTAATTAATTAATTTATTTTAAATTAATTAATTAATTTT 1446
Qy 977 TAAAGATTTTGAATTTTCCCTCTTATGTTATAGACTATGATGTTGATTCG 1036
Db 1445 ATTTTTCGATTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 1386
Qy 1037 AATATCATTAATTTCCGCTTAATTTTATTTTATTAATTTTAAAAATTA 1096
Db 1385 AAAAAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTAT 1326
Qy 1097 ATTAATTTTCC-----ATTAACTTGAATGATTAATTTTAAATTTCAAC 1148
Db 1325 AATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTAT 1266
Qy 1149 ATATATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATTTGATCATATTTTATTTTCA 1208
Db 1265 AATTAAGTAACTTTTATTTTATCGAAAAATTTTATTTTAAATTAATTTA 1206
Qy 1209 AATTAATTTTAAACATCATTAATTAAGAAATTAAGCAAAA-AAATGAGACGG 1267
Db 1205 AATTAATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTT 1146
Qy 1268 GACAGCGACGCAAAATGTCAGAAACTCTTCGCTAATATCTCTCATCCAACT 1327
Db 1145 TCGAATATCGAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTA 1086
Qy 1328 ATATATTAATTAATTAATTTTAAACATATTTGACCAACTCAACCCCTTA 1387
Db 1085 AATTAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 1026
Qy 1388 AGACAAACCTTCCCATCTCTTATCATTAATTAATTAATTTTCAATAGCAA 1447
Db 1025 AAAAAAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTTTATTTTATTT 966
Qy 1448 GTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAATAGCAA 1507
Db 965 ATAAAAAATTAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTTA 906
Qy 1508 TCTCATTAATTTTTCCTCATCAATTTCACTTGTGAAGCAATGTTATTTGAT 1567

Db 905 AATATTAATTTAAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTTTAAAT 846
Qy 1568 TTTATTAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAAT 1627
Db 845 TTTTAAATTAATTAATTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 786
Qy 1628 TTAATCTTCTTATTTGAGCAAAATTAATTAATTAATTAATTTGACAGGTT 1687
Db 785 TATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 726
Qy 1688 AATGGAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 1747
Db 725 TTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 666
Qy 1748 TGATTAATTTGATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1807
Db 665 TTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 606
Qy 1808 ATATTAAGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1867
Db 605 TTTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 546
Qy 1868 CGTTTATGATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1927
Db 545 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 486
Qy 1928 GGTATCTGATTTTTCCTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1987
Db 485 ATTTAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 428
Qy 1988 AGACACTATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2047
Db 427 AATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 368
Qy 2048 TAACTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2107
Db 367 TTTTTCCTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT 308
Qy 2108 GTGGGCTCTGAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2167
Db 307 AATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 248
Qy 2168 GAAACCTCGACAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2226
Db 247 TTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 188
Qy 2227 ACCATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2286
Db 187 TTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 128
Qy 2287 ATCTTCAATCTACCATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2346
Db 127 ATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 68
Qy 2347 CAAGATTTCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2406
Db 67 AAAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 8
Qy 2407 A 2407
Db 7 A 7

RESULT 14
US-10-473-126-240
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; TITLE OF INVENTION: proliferative disorders
; FILE REFERENCE:

Query Match 2.5%; Score 188.6; DB 18; Length 8056;
Best Local Similarity 44.7%; Pred. No. 6.9e-17;
Matches 1251; Conservative 0; Mismatches 1494; Indels 56; Gaps 11.

[illegible]

D	b	848	TCGTTTTTTTATTTTTTTTTTAAAGATATAAAATTTGCTAATTAATTAATTAATTTTA	907
Q	y	1491	AGGAATAGATATTCCTCTCATTAATTAATTTGGTTCACATTTCAACTGTGAAGC	1550
D	b	908	ATATATTTTCGCGTTTCGTATATTAATTTTTTTTAAAAATAATTTTTTTTATTTT	967
Q	y	1551	AATGTATATGATGCAATTTATTCAAACAAGTTTATGATTAATATCTTGACACAGATTT	1610
D	b	968	AAAGCAAT--AAATATATATTAATTAATTTTTTTTAAAAATAATTTTTTTAAAAATTTT	1024
Q	y	1611	GCTCATGATTTTCAGCTTATCTTTCTTAATTTGAGCAAAAATATGAAACACATAT	1670
D	b	1025	TATATTTTTTAAATTCGAAATTTATATTCGTAATATAAAAAATTTGTTTTAATTCG	1084
Q	y	1671	ATTGACAGGTGATTAATAATGGGATTAAGATTAATGACTTAAGCTTTGAGCTAAG	1730
D	b	1085	TTTTTTTTTAACGTTTTTAAACGTTATATATTCGTTTTTAATTTTTTTTCGATATTCG	1144
Q	y	1731	GGTCATGCAAAAAACATATGATTAATTTGTAAGTATTTAAATRTGGAAATATTTGGGG	1790
D	b	1145	AAATTTAAATTAATTAATTTTCGATTTATTTATTAATTTATTTTAAATTTTAATTAAT	1204
Q	y	1791	GATGAAAATGATAGCAATATAGAATTAATTTGGAAGGATAAAGTTATATTTATTA	1850
D	b	1205	TTAATTTAATTTTTTTTAAATATAATTAATTTTTTCGATTAATAAAAAAACGTTACG	1264
Q	y	1851	GTAAGAAATTAATTTTCGTTTTTGTATTAAGTGAAGAAATGAGTTCTCGTTAAGCAG	1910
D	b	1265	TAAATTAATTAATTAATAAACGTAATATTTTTTAAATTAATTAATTAATAAAAAATTT	1324
Q	y	1911	GAAGACATATTTCCATGCTAAGTATCTATTTTTTTTACTTTTAAATAGCTCATAGAT	1970
D	b	1325	TATAATTTTTTAATAAAAAATATTAATTTATTTTTTTATTTATTAATAATTTATTTTT	1384
Q	y	1971	TGCTATACCAAGATATAGACACTTATTTGATGATTTAAGTCTCGAAAAGAAATGAT	2030
D	b	1385	TTATTAATAATTAATTCGATTTTTTTTTTTTAAATTTTTTTTAAAAATAAAAAA	1444
Q	y	2031	AGTAATTTTGCTTAATATATACATCAATTTCTTAATGATATTTTTTCAACCAAAATAC	2090
D	b	1445	TAAATATATTTTTTTTAAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1504
Q	y	2091	AAAGCTAATCCAAATAGTGCGCTCTAGAATAAAGATAGTTCATTTCAATTCCTAAC	2150
D	b	1505	TAAATATTAATAATTAATACGTTAATAAAAAATTTTAAATTAATTAATTTTTTAA	1564
Q	y	2151	CTTATTTAATTTTAGTGGAACCTCGCAAAAAACA--ACAACGATTCGAACCTTTTATA	2209
D	b	1565	TATATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTT	1624
Q	y	2210	TTGGAATTTGAGCAACAACATATGAACAACCTCACACATGCAATAGCTCAATATATA	2269
D	b	1625	TAAACGATCGTAATAATTAATAAAAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTT	1684
Q	y	2270	TAAATTTCTAAAAAATATCTTAATCTAACATATGAAATTTGAAAAATGACTTTTAT	2329
D	b	1685	TTAAATTTAATTAATTAATTTA--TATAATAATTAATTTAATTTTAAATTTAT	1741
Q	y	2330	CTATGCAACATTAATCAAGATTTCTTTAAGATTTACACATACATTTGATATGTT	2389
D	b	1742	AAAAAATTAATAAAAAATTTTTTAAATTAATAAAAAATTAATAATTTATACGTTATAT	1801
Q	y	2390	CTTATCGGTTAAATTAATCTTCAGGCAATTTGACGAAGCATGAGATGACATGTTCAT	2449
D	b	1802	ATTTTAATTTAATTAATTAATAATTAATTTTCGTTTAAAAAATTTTTAAAAA	1861
Q	y	2450	CTAGAACACCTGTTCAATTTGGTTCCTTAAACACAGATTAATCTCTCAAGAAATCA	2509
D	b	1862	TTAATTTAATTAATTTATTTTATTTTTTTTATTAATTAATAAAAAATTTTATTA	1921
Q	y	2510	CCTTTCAGGTCATGCAAGATCTTCTAATTCAGTAAGGTTAGCATATGATTAATTA	2569
D	b	1922	-----AAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1955

```

Oy 2570 TCCCTTGTAGCAATATATATCTGTTATAGCAAAATTTAAGAAAGTAATCAAGA 2629
Db 1956 TAAATTTTAAAAATAAATATTAATTAATTTTATTTAAAAATTTAATAAATTTTAAA 2015
Oy 2630 TAGATAAACAATGAAATTTTCCTCACTAATTTAGCGGATTAGTGAGAAATTATCAAAATGT 2689
Db 2016 TATATTTTAAATATAAATATATTTTAAATATTTTAAATTTTAAAAAATTTATTAABAA 2075
Oy 2690 TAGTTAGCTATGAGCAACCTAGCTGAAATTACGTAGTGAGAAAGTTGATGCTAATTC 2749
Db 2076 TATTTTAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTATTTT-----TAAATATATTTTAAATTA 2128
Oy 2750 TATTTTTTTTGTAGAGTAAGAATTTGAAACACATGTAATTAATTAATATATGCT 2809
Db 2129 TTTTATTTTATTTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2188
Oy 2810 TAAATTAATATGCAATGATAGTTCAAACTAAAGACATGTCMAAAGAAATTAAGAAAGAA 2869
Db 2189 TTAATAAAAAACG-AAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2247
Oy 2870 ATATTTATTTTAAAAATTAATTAATAAAGAAAAATATGAAATTAATTTCAAAGCAGAG 2929
Db 2248 TTTTAAATATTTAAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2307
Oy 2930 GTATTACAAATTCATAGGGAGTAAGAATTAATTAATGTGTAAGAAAACGACATCAACA 2989
Db 2308 TAAATTTATTAATTTTCGATATTTAAATTAATTTTATTTAATTTTAAATATATTTTAT 2367
Oy 2990 TATCTAATAAAGTCTCATAAA-----TGATATTAATAAATAATGCTGTAGCAACAGTTA 3043
Db 2368 TTTTATTAATATATTTATTAATAATTTATTAATTTTCGAAAAATTAATAAATAAATAAATTTAT 2427
Oy 3044 TCCTTACAAAACTTTTGTGGGATGATCGATCCAGAGCTGTGTTCCAGACTCTTGCTTA 3103
Db 2428 TTAATTTTAAAAAATTAATTTTATTTTATTTTAAATTAATTTTAAATTTTATTTTCGTTT 2487
Oy 3104 AAAAAAATGTTTTTCTAAATTAAGTTGAAGAATGTTAATGATGAAAAATATGAAGAA 3163
Db 2488 AAAAAATTAATAATTTTAAACGAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2547
Oy 3164 AAACATATCAATATTTAAAAATTAATTAAGTAATCAAAAGTAAACGAATTAACATAGAAATA 3223
Db 2548 AAAAAATTTAAAAATTAATTAATTAATTTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 2607
Oy 3224 ATATCTCAATTAATGAAAAATTTAGTGCTTTTCGTAACTAATCTTAGTTATTCATGCT 3283
Db 2608 ATAAATATAAAT--AAATTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATTT 2664
Oy 3284 TCTTTAATTTCCCTCTTAATTTTGTGAATTTACTAATGACAGATTTTGGATCCTTAGA 3343
Db 2665 TAAAAATATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATA 2724
Oy 3344 AGCATCTAGTAATAATTTGAGACTACAAAGATGAGAGGCTTT 3384
Db 2725 ATCGTTAAATTAATTAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATTT 2765

RESULT 15
US-10-312-841-1
; Sequence 1, Application US/10312841
; Publication No. US20030186277A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
; FILE REFERENCE: E01/1208/WO
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312,841
; CURRENT FILING DATE: 2002-12-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3673778
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence

```

	FEATURE:	OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
	FEATURE:	
	NAME/KEY:	unseqre
	LOCATION:	(3294164)
	US-10-312-841-1	
	Query Match	2.4%; Score 179.8; DB 16; Length 3673778;
	Best Local Similarity	44.0%; Pred. No. 1e-14;
	Matches 1252;	Conservative 0; Mismatches 1557; Indels 38; Gaps 10;
Oy	613	TATTATGATTTGGTTTAAATATTTAAACCTGGAATATATTATTTTAAAAAATTAATCTA 672
Db	1712905	TGTTTTAGTTGTGATAGTAGTTTATTATGTGATTTTGTCATTTGTGTAGTGTATTTA 1712964
Oy	673	TTAAGTACCATCACAATTAATTGAGCGAGAAATTAAGATGAACATAGTGTAAATTAG 732
Db	1712965	ATAAGTAT 1713024
Oy	733	TAAATGATGGGTAGTAATTTATTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 792
Db	1713025	TTTTAT 1713084
Oy	793	TTTGAGCGCCATGATTTTAAAAAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 852
Db	1713085	TTAAAT 1713144
Oy	853	ATGTCATATTTGAAACCCAAAGTGATGAGAGGGATTTTGAAGCCATAGGGGATG 912
Db	1713145	TATTTGTGTGTGTAT 1713204
Oy	913	AGAAAGATTTTGAAGCCAAATGTGATGAGTGAAGATTAATTTGTATCATTTCTAAT 972
Db	1713205	TGTATTTAT 1713264
Oy	973	ACTTAAGAATTTTGAAGTATTTCCCTTCTAGTTATAGCATATGTGTAGTTC 1032
Db	1713265	ATTTTAT 1713324
Oy	1033	ATCGA-ATATCATCTATATATTTCCGCTTAAATTTATTTTATTTTAAATTTTAA 1091
Db	1713325	ATATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTA 1713384
Oy	1092	AATTAATTAATTTTCCATTTAACTTGATTTGTAATTAAT- TTTAAAAATTACCAAT 1150
Db	1713385	TATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713444
Oy	1151	ATTAATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATGTGAATATATTTTATATATTTTAAATTC 1210
Db	1713445	ATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713504
Oy	1211	TAAATTTTTTAAACATCATATAAAAGAAATAGACAAAAAATTTGAAGCGGAGAAAC 1270
Db	1713505	TATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713564
Oy	1271	AAGCAGACAAAAATGTCAAGAAACTCTTTCGTAAATATCTCATCCAAATCTATA 1330
Db	1713565	ATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713624
Oy	1331	TAAATCCATTTACATTTAACCATTTGACCAATCCCAACCCCTTAAATATCTATATAATGA 1390
Db	1713625	TTATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1713684
Oy	1391	CAAAACCCCTCCATCACTCTTATCATATAAAAAAATTAATATCTTTTCAATAGACAATT 1450
Db	1713685	TTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTA 1713744
Oy	1451	TAAAAACATACATATATACATATATATCATGTGTATCCAAAGATATGTAATTCCTCT 1510
Db	1713745	TATATATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1713804
Oy	1511	CATTATTAATTTTCTTCATCATTTTCAACTTGTGAGAACATGTATTTGATGCAATTT 1570

Db 1713805 TATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTTATATATTTT 1713864
Qy 1571 ATTCAACAGTTTATNGATTAATTTCTTGACACAGATTTGCTCATGATTTTCAAGCTTA 1630
Db 1713865 TATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1713924
Qy 1631 TCTTTCTTATTTGACAAAAATATTTGAAAGCAACATTAATTTGCAAGTTTATTAATA 1690
Db 1713925 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1713984
Qy 1691 TGGGATTAAGGATTAATGTACTTACTT-----TGAAGCTAAGGGTGAAGAAAA 1743
Db 1713985 TATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714044
Qy 1744 CATATGATTAATTTGTAAGTATTTTAATTTGAAATATATTTTGGGGAATGAAATGTA 1803
Db 1714045 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714104
Qy 1804 GAGAAATTAAGATTTATTTGGAAGATGAAAAATTTATTTTATTAAGTAAATTTAT 1863
Db 1714105 TTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714164
Qy 1864 TTTCTGTTTATAGTATTAAGGAAAAATGAGTTTCTGCTTAAGGAGAAAAAGCTATTTT 1923
Db 1714165 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714224
Qy 1924 CCATGTAACTGATTTTATTTTATCTTTATTAACGTCATAGTATTTGCTAACTCAAG 1983
Db 1714225 ATATATTTTATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1714284
Qy 1984 AATTAAGACTTATTTATTTGATGATTTAGTGTCTGCAAAAAAGAAATGATTAATTTTCT- 2042
Db 1714285 TTAATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1714344
Qy 2043 --TAATATATCTATCAATTTCTTATATGATATTTTCAACCAAAATACAAAGCTTAAT 2100
Db 1714345 TATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714404
Qy 2101 CCAATTAAGTGGCTCTAGATTAAGATTAAGTCTTATCTAATTTCTTAACCT----- 2152
Db 1714405 ATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1714464
Qy 2153 TATTTATTTTATAGGAAAGCTCGACAAAAACAAAGATTAATCAACTTTTATATTC 2212
Db 1714465 TATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTAT 1714524
Qy 2213 GGAATTCGAGCAACACATTAAGAACTCAACATGACATATAGTCTTAATATATTA 2272
Db 1714525 ATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATATAT 1714584
Qy 2273 TTTTTCATAAAAAATCTTCAATCTACATTAATGAATATTTGAAAAATGAATTTATCC 2332
Db 1714585 TTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714644
Qy 2333 ATCGAACACATTAACAGATTTCTTTAAGATTTTACCACTTACATTTGGTATGTTCTT 2392
Db 1714645 TATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTT 1714704
Qy 2393 ATCGTGTAAATATATCTTTCAAGCATTTGAGCAAGCATGGAATGAAGCATGTTCAATCA 2452
Db 1714705 TTTATATGTAATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1714764
Qy 2453 GAACACCTGTTCAATTTGGTCTTAAAAACAAAGATTAATCTTCAAGCAATCACT 2512
Db 1714765 ATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1714824
Qy 2513 TTTCAAGTCATGACAGATCTTCAATTCGTAAGGTTAGCATATGATTTATATAT-- 2570
Db 1714825 TATTTTATATATATAGTATATATATTTTATATGTAATATATTTTATATATATTTTATAT 1714884
Qy 2571 ---CCTCTTTGTTAGCAATATATATCTGTTTATGACAAAAATTTAAGAAAGTAATCAAA 2627
Db 1714885 ATATATTTTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATATTTTATATATATATTT 1714944

Qy 2628 GATATGATTAACATGAAATTTTCTGCTCACTAAATTTAGCGGATTTAGTGGAATTAATCAAAAT 2687
Db 1714945 TGTATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715004
Qy 2688 GTTATATG-----TAGCTATAGGCACTTACTTACTTGAATTTAGCTATAGGAAAGATTTG 2739
Db 1715005 TTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTT 1715064
Qy 2740 ATGCTAATCTAATTTTATTTTGTAGAGTAAGATATTTGAAACACATGATTAATTAAT 2799
Db 1715065 TATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTT 1715124
Qy 2800 AATTAATGCTTAATTAATATATGTCATAGCATAGTCTCAACCTAAGAACTGCAAGAAAA 2859
Db 1715125 TATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715184
Qy 2860 TAAGAAAAAGAAATTTATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2919
Db 1715185 TATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATAT 1715244
Qy 2920 AAGCGAAAGGATTTATCATATCTATGCGGATTAAGAAAGATTAATTAATTAATTAATTAAT 2979
Db 1715245 ATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715304
Qy 2980 GCACTACATATCTAATTAAG---TCTCATTAATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3036
Db 1715305 ATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATAT 1715363
Qy 3037 ACAGTTATCCCTACAAAACTTTTGTGGGGTATGATCGATCCAGAGTTGTTCCAGACTC 3096
Db 1715364 ATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATAT 1715423
Qy 3097 TTGCTTAAAAAAAGTTTCTTAAATTAAGTTTGAAGAAAGTTTATATATATTAATTAATTA 3156
Db 1715424 ATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTAT 1715483
Qy 3157 TGAAGAAAAACATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3215
Db 1715484 TATATATATATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTATATATATTTTAT 1715543
Qy 3216 TAGGAATTAATCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3275
Db 1715544 TTTGATATGATTAAGATTTTGGTATATAGAGTGTTTTGAAGAAATGAATATTAAGAT 1715603
Qy 3276 TCAATGTTCTTAATTTCCCTCTTATATTTTGTGAATTAATCAATGCAATTTTGA 3335
Db 1715604 GAGTTTGTGTTAGGTTTGAAGGTTTGTGATTTGTTAATATGATTAAGATTTTAA 1715663
Qy 3336 TCCTTAGAAAGCATCTAGTAAATTTTCAAGCTACAAAGATTAAGGCTTTGATGCTTTT 3395
Db 1715664 AATGTTAAGATTTTATTTTAAATAGTGTGAAGATGTTGATGTTTGGTATGAATTTG 1715723
Qy 3396 GATATGTTCAAAATTTAGTTGTTGA 3422
Db 1715724 TTTAGAGATTAACGTAAATTAATGA 1715750

Search completed: March 2, 2005, 02:06:52
Job time : 4548 secs